MEMORIAS 2022

V CONFERENCIA BIENAL DE
LA SECCIÓN LATINOAMERICANA

WDA.LA

Valdivia, 8-11 de noviembre 2022

PRESENTE Y FUTURO

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PRESENTE Y FUTURO

INDICE

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

Ponencias 6–82
Magistrales 6
Moderadores 11
Orales 12
Tipo Cartel 39

Organización 83
Instituciones Organizadoras 83

MESA DIRECTIVA

Andrea Chaves, Presidenta

Gerardo Acosta, Vice - Presidenta

Aricia Benvenuto, Secretaria - Portugués

Mónica Franco, Secretaria - Español

Luis Fernando Guerra, Secretario - Español

Oscar Rico-Chávez, Tesorero

Jorge Rojas, Representante Estudiantil

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PRESENTE Y FUTURO

COMITÉ ORGANIZADOR

Gerardo Acosta, Universidad Austral de Chile

Cristóbal Briceño, Universidad de Chile

Galaxia Cortés, Universidad Católica de Chile

Constanza Napolitano, Universidad de Los Lagos

André Rubio, Universidad de Chilel

Claudio Azat, Universidad Nacional Andrés Bello

Claudio Verdugo, Universidad Austral de Chile

COMITÉ CIENTIFICO

Pablo Beldomenico, Universidad Nacional del Litoral, Argentina

Marina Bueno, Fudación Oswaldo Cruz, Brasil

Cristóbal Briceño, Universidad de Chile, Chile

Galaxia Cortés, Universidad Católica, Chile

Andrea Chaves, Universidad de Costa Rica, Costa Rical

Fernando Esperón, INIA-CISA, España

Constanza Napolitano, Universidad de Los Lagos, Chile

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

André Rubio, Universidad de Chile, Chile

Diego Soler, Universidad La Salle, Colombia

Gerardo Suzán, Universidad Nacional Autónoma de México, México

Marcela Uhart, Universidad de California - Davis, USA

Claudio Verdugo, Universidad Austral de Chile, Chile

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PREENTE Y FUTURO

PONENTES MAGISTRALES

Bacterias de prioridad crítica OMS/WHO resistentes a antibióticos en fauna silvestre: Perspectivas y desafíos para Latino América

Nilton Lincopan, Departamento de Microbiología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de São Paulo, Brasil. lincopan@usp.br

Patógenos bacterianos resistentes a antibióticos clasificados como de prioridad crítica por la Organización Mundial de la Salud (OMS) se han diseminado exitosamente más allá del ambiente hospitalario, siendo ahora identificados en animales sinantrópicos y en fauna silvestre, alrededor del mundo. Para monitorear el impacto de la resistencia a los antimicrobianos (RAM) en el ambiente, se ha comenzado a estudiar el papel de la vida silvestre como bioindicadores o centinelas. La vigilancia genómica de la RAM tiene mejorado significantemente la capacidad de investigar la diseminación global y el aparecimiento de clones multirresistentes de patógenos clínicamente relevantes, circulando en la interfaz humana-ambiente-animal. Actualmente, la resistencia a las cefalosporinas de amplio espectro y carbapenémicos ha sido catalogada como el principal problema en Una Salud. En Latino América, la presencia de clones internacionales de Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, Acinetobacter baumannii y Pseudomonas aeruginosa ha sido ampliamente reportado en medicina humana, alcanzando un nivel endémico, en cuanto que en Medicina Veterinaria estos mismos clones de alto riesgo han comenzado a ser reportados en animales de compañía, de producción, y en fauna silvestre. Cepas de E. coli productoras de beta-lactamasa de amplio espectro (BLEE) del tipo CTX-M, y pertenecientes a los clones internacionales secuencias tipos ST10, ST58, ST90, ST131, ST155, ST224, ST410, ST602, ST648, han sido identificadas en animales infectados y no infectados en Argentina, Brasil, Chile, Perú y Ecuador. Por otro lado, K. pneumoniae productoras de CTX-M y/o carbapenemasas del tipo KPC y NDM, pertenecientes a las ST15, ST307 y grupo clonal CG258 (ST11 y ST340), emergen como urgencia clínica y epidemiológica en mascotas, aves silvestres, roedores y fauna marina, en Brasil y Perú. Acciones antropogénicas y la urbanización acelerada parecen contribuir con este fenómeno, donde especies icónicas en peligro de extinción como el cóndor andino, ballenas y tortugas marinas han sido colonizadas o infectadas por patógenos de prioridad crítica OMS, genómicamente relacionados con bacterias hospitalarias. Finalmente, aves migratorias como gaviotas de Franklin han sido identificadas como posibles fuentes de diseminación de la RAM, inclusive para regiones insulares del continente. La RAM en fauna silvestre es un desafío dentro del contexto Una Salud que debe ser monitoreado, principalmente en el actual escenario de pos-pandemia.

Parásitos invasores y su impacto en fauna silvestre: ¿Cuándo un parásito se convierte en patógeno?

Lucila Moreno Salas, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. lumoreno@udec.cl

Entre los impactos que provocan las especies exóticas invasoras, la introducción de parásitos se reconoce como una amenaza importante para la vida silvestre nativa. Los parásitos son a menudo actores clave en las invasiones, ya que pueden mediar en el resultado de las invasiones o pueden ser ellos mismos especies invasoras. Sin embargo, aspectos de la biología y consecuencias de estos parásitos en la salud de la fauna silvestre, tanto introducida como nativa, son, en su mayoría, desconocidos. Se ha descrito que los parásitos en su área nativa de distribución presentan, en general, baja virulencia (es decir, la disminución de la aptitud del hospedador debido a la infección) y no tienen un efecto negativo evidente en el hospedador, pero cuando se introducen a una nueva región, esto se invierte, presentando una alta patogenicidad. Si consideramos que el impacto de los parásitos en el hospedador es variable y depende de los rasgos del organismo (patogenicidad), edad del hospedador, genética, fisiología, inmunidad, comportamiento, entre otros; además de estar influenciados por el entorno del hospedador, no es trivial determinar cuándo un parásito se vuelve patógeno en el área invadida. Los principales problemas detectados para definir el impacto de los parásitos invasores en la fauna silvestre nativa son: i) la variabilidad en

PONENTES MAGISTRALES

el conocimiento de las especies exóticas que actúan como hospedadores de parásitos; ii) la dispersión de la información sobre las asociaciones parásito-hospedador; iii) el bajo nivel de resolución taxonómica de los organismos parásitos; iv) la falta de conocimiento de los parásitos de especies invasoras en su lugar de origen; v) el sesgo en las especies invasoras estudiadas; y vi) la heterogeneidad de técnicas utilizadas en la detección de parásitos. Se puede concluir que el conocimiento actual sobre los parásitos invasores es aún deficiente, por lo que es difícil comprender las circunstancias (ecológicas) que provocan que un parásito adquiera la capacidad de provocar una enfermedad en un hospedador. Se llama a recopilar e integrar datos de distribución y dinámica de las poblaciones de parásitos, hospedadores y vectores para lograr una mejor comprensión del impacto de estas especies invasoras.

Estructuración de la Vigilancia Epidemiológica de Salud en Fauna Silvestre en áreas protegidas de Argentina

Marcela Orozco, Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IEGEBA-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (FCEyN, UBA), Buenos Aires, Argentina. marcelaorozco.vet@gmail.com

En el contexto mundial de crisis ambiental y sanitaria, los abordajes integradores y participativos surgen como respuesta a problemáticas complejas de conservación y salud, considerando los estrechos vínculos existentes entre la salud de los animales, los humanos y los ecosistemas, e interpelando a múltiples disciplinas y sectores de la sociedad. Las nuevas áreas de interfaz entre ambientes conservados y antropizados, generadas como consecuencia de la actividad humana, resultan cruciales en la investigación sobre la emergencia y reemergencia de patógenos. La vigilancia epidemiológica de salud en fauna silvestre es esencial, y las áreas protegidas y sus zonas de amortiguación pueden funcionar como puntos estratégicos de monitoreo propiciando la planificación y ejecución de las estrategias de prevención y control. En Argentina, los programas de vigilancia oficiales evalúan sistemáticamente ciertos patógenos en animales domésticos y la fauna silvestre se monitorea de forma oportunista. En 2018 el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) creó la Comisión Asesora de Fauna Silvestre con el objetivo de nuclear expertos que brinden apoyo técnico en problemáticas asociadas a los animales silvestres, y en 2022 avanzó con un programa de trabajo y cooperación mutua con Administración de Parques Nacionales (APN). En ese marco nuestro grupo de investigación diseñó y puso en marcha recientemente, de manera piloto, una vigilancia de salud en fauna silvestre en dos áreas protegidas de la APN. Con un enfoque participativo local combinamos el desarrollo de estrategias de vigilancia activa y pasiva, lo que proporciona información relevante sobre la circulación de patógenos en las áreas de estudio. Actualmente la vigilancia pasiva se desarrolla a través de una red integrada por personal de las áreas protegidas, investigadores, técnicos de centros de rescate y representantes de la comunidad local. Los integrantes participan periódicamente de talleres, capacitaciones y prácticas de campo, lo que permite el monitoreo participativo y sostenido de las poblaciones de mamíferos silvestres en ambas áreas, y mejora el reporte de animales enfermos y/o muertos para su examen y obtención de muestras biológicas. Se proyecta la creación y puesta en funcionamiento de una aplicación móvil, que facilitará la alerta temprana de casos, y permitirá ampliar la red de colaboradores a toda la comunidad local, mediante un enfoque de ciencia ciudadana. Las muestras obtenidas son analizadas a través de una red de diagnóstico de laboratorio que incluye instituciones de referencia nacional y grupos de investigación del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La vigilancia activa está actualmente orientada a dos patógenos de relevancia en ambas áreas: *Ehrlichia chaffeensis* y *Ricketssia* spp. y se llevan adelante relevamientos sistemáticos estacionales de vectores, hospedadores y potenciales reservorios silvestres. La vinculación del monitoreo de fauna silvestre a campo, el diagnóstico en laboratorios de referencia y la investigación ecológica posibilita un abordaje integrado y eficiente de la vigilancia, mientras que el uso de métodos y herramientas participativas permite recopilar información del contexto general y es crucial para mejorar estrategias de promoción de la salud y orientar acciones de conservación.

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PRESENTE Y FUTURO

PONENTES MAGISTRALES

Descifrando la posible transmisión bidireccional de agentes infecciosos en ciclos silvestres vectoriales en primates tropicales

Andrea Chaves, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, andreachaves.biol@gmail.com

Los ciclos selváticos de enfermedades vectoriales pueden favorecer el mantenimiento, resurgimiento y entornos selectivos donde se pueden desarrollar nuevas cepas de patógenos. Los bosques tropicales ofrecen una amplia gama de hábitats y mecanismos ecológicos heterogéneos que pueden influir en la dinámica de transmisión de estos agentes infecciosos (favoreciendo o reduciendo). Por ejemplo, la malaria es una enfermedad infecciosa con vínculos ecológicos complejos. Su transmisión implica una interacción tritrófica entre mosquitos vectores (con más de 400 especies), parásitos protozoarios (con más de 250 especies) y hospederos vertebrados (reptiles, aves, mamíferos - incluyendo al ser humano). De igual manera y a pesar de su distribución mundial, los países de áreas tropicales y subtropicales que poseen vastas reservas forestales y una gran diversidad de fauna representan los entornos más favorables para la ecología de los arbovirus. Propagado en las Américas a los vertebrados por artrópodos hematófagos. Debido a sus hábitos arbóreos y diurnos, los primates no humanos (PNH) neotropicales son infectados por agentes infecciosos transmitidos por mosquitos con mayor frecuencia que otros animales. Al tener características genéticas y fisiológicas similares a las de los humanos, los PNH son susceptibles a agentes infecciosos que pueden cruzar los límites de las especies a través de vectores. Sin embargo, conocemos muy poco sobre los posibles ciclos selváticos y la función hospedera de los PNH neotropicales. Con nuestro trabajo, hemos examinado la exposición a agentes infecciosos vectoriales en PNH neotropicales de Latinoamérica y evaluamos su papel potencial como hospederos de ciclos selváticos (por eje: arbovirus), así como su función en el mantenimiento de enfermedades vectoriales (por eje: malaria) en Costa Rica. Utilizando herramientas moleculares, serológicas y estadísticas se ha desarrollado una línea base de conocimiento sobre posibles relaciones entre los PNH neotropicales y los agentes infecciosos estudiados, así como variables ecológicas y antropológicas asociadas. Encontrando evidencia de PNH neotropicales positivos y/o seropositivas al Virus del Dengue, al Virus de San Luis Encefalitis, al Virus Oeste del Nilo, al Virus de la Encefalitis Equina Venezolana, a *Plasmodium malariae/Plasmodium brasilianum*, a *Plasmodium vivax/Plasmodium simium* y a *Plasmodium falciparum*. En algunos casos de patógenos sin evidencia de circulación en Costa Rica desde décadas atrás. Características ambientales, presencia humana, visita a parques nacionales se han asociado significativamente a PNH neotropicales positivos a Flavivirus. Nuestros resultados indican que las regiones con mayor idoneidad para la transmisión de plasmodio en PNH neotropicales coinciden con regiones donde se han notificado la mayoría de los casos humanos en Costa Rica. Estas regiones también se identificaron previamente como áreas con alta idoneidad para las especies de vectores, lo que sugiere que ocurren ciclos enzoóticos y epizoóticos. Este trabajo proporciona evidencia convincente de la exposición a enfermedades vectoriales en PNH neotropicales y subraya la importancia de futuras investigaciones destinadas a comprender cómo se comportan estos agentes infecciosos en posibles ciclos selváticos neotropicales y la circulación de diferentes enfermedades vectoriales de importancia para la salud en América Central.

Mujeres en la Investigación de la Salud de la Vida Silvestre

Sonia M. Hernandez, Escuela Warnell de Silvicultura y Recursos Naturales y Estudio Cooperativo de Vida Silvestre del Sureste, Departamento de Salud de la Población, Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad de Georgia; Athens, Georgia, USA. shernz@uga.edu

Históricamente, las mujeres han estado subrepresentadas en el campo del manejo de la vida silvestre y la salud de la fauna silvestre. Sin embargo, su participación enriquece a los equipos. A medida que el mundo continúa moviéndose hacia

PONENTES MAGISTRALES

equipos multidisciplinarios para resolver problemas complejos de conservación, y reconocemos las disparidades y desigualdades de participación de los grupos subrepresentados, debemos continuar examinando las razones por las que las mujeres han sido excluidas de estos campos y abordar esos desafíos de frente. En esta presentación voy a revisar los desafíos de la desigualdad de género en estos campos, las acciones tomadas para superar estos desafíos y destacar algunas mujeres que han contribuido mucho en estos campos, a menudo con poco reconocimiento.

Impactos del cambio climático en la respuesta inmune de fauna silvestre

Mauricio Seguel, Departamento de Patobiología de la Facultad de Veterinaria de Ontario, Guelph Unversity, Canadá. maurseguel@gmail.com

El cambio climático está asociado a una cascada de efectos ecosistémicos tales como cambios de temperatura, biomasa, distribución de especies y relaciones tróficas, entre otros. Sin embargo, no se comprende bien cómo estos cambios en el ecosistema afectan la fisiología de animales silvestres y se sabe aún menos sobre los impactos que los cambios ecosistémicos tienen sobre la respuesta inmune de animales silvestres. Sin embargo, este conocimiento es fundamental para pronosticar adecuadamente la dinámica de las enfermedades infecciosas en los sistemas de fauna silvestre. Esta charla resumirá los mecanismos que pueden vincular la variabilidad climática y la respuesta inmune en vertebrados. Exploraré los impactos potenciales sobre la inmunidad, predichos por la teoría ecoinmunológica, así como la evidencia empírica reciente en diversos sistemas de vida silvestre. Finalmente, utilizando un estudio a largo plazo en lobo fino austral en la isla Guafo, Chiloé, Chile, discutiré cómo algunos de los vínculos entre la inmunidad y el cambio climático pueden comenzar a ser entendidos a través de estudios longitudinales y manipulación experimental de interacciones hospedero-patógeno.

Medición de Hormonas como Biomarcadores no Invasivos de Salud en Fauna Silvestre

Gabriela Mastromonaco, Toronto Zoo, Canadá. gmastromonaco@torontozoo.ca

Las poblaciones de fauna silvestre siguen enfrentándose a importantes retos que influyen en su salud y supervivencia a largo plazo. Las presiones antropogénicas, que van desde la degradación ambiental hasta el cambio climático, están alterando el paisaje de muchas especies. Es más importante que nunca desarrollar herramientas fiables y accesibles que nos permitan evaluar la salud de los individuos y de las poblaciones para rastrear cambios que sean indicativos de amenazas crecientes para la supervivencia o, en circunstancias más positivas, de la capacidad de adaptarse y prosperar. El sistema endocrino es una red altamente regulada y compleja de hormonas que responde a estímulos internos y externos para garantizar el mantenimiento de las funciones corporales. El seguimiento de los cambios en los niveles hormonales a lo largo del tiempo puede proporcionar información valiosa sobre los patrones específicos de cada especie relacionados con la estacionalidad, la reproducción y el envejecimiento, así como identificar las desviaciones a corto y largo plazo que reflejan un cambio en la homeostasis. Desde hace varias décadas, las hormonas del estrés, reproductivas y, más recientemente, nutricionales se han utilizado para comprender mejor las necesidades de los animales bajo cuidado humano. En este entorno controlado en el que se mantienen registros detallados de los animales, incluyendo su pedigrí, comportamientos y otros datos biométricos, los estudios han correlacionado los perfiles hormonales alterados con los cambios en el alojamiento, el manejo y, lo que es más importante, la salud del animal. Estos estudios longitudinales nos han proporcionado conocimientos importantes sobre las ventajas y los retos de utilizar las hormonas como indicadores de bienestar. La capacidad de recoger muestras de forma no invasiva y sin acceso al propio animal hace que la técnica sea atractiva para los gestores de animales que trabajan con poblaciones en libertad. Las heces,

PONENTES MAGISTRALES

así como el pelo, las plumas y las garras, se han utilizado ahora en una variedad de especies de la mayoría de los taxones con cierto éxito. Los datos hormonales se han correlacionado con la alteración del hábitat, el riesgo de depredación, la disponibilidad de recursos y, en algunos casos, las enfermedades. Aunque la monitorización hormonal no invasiva tiene limitaciones ya bien documentadas, es una herramienta barata y fácilmente aplicable para obtener valiosos datos fisiológicos de los animales que pueden ayudar a documentar los cambios en la estabilidad de la población a lo largo del tiempo. l

MODERADORES - PONENCIAS ORALES

Gerardo Suzán, Universidad Nacional Autónoma de México

Luz Dary Acevedo, Wildlife Conservation Society, Colombia

Constanza Napolitano, Universidad de Los Lagos, Chile

Mónica Franco, Secretaria - Español

Claudio Verdugo, Universidad Austral de Chile

Jose Luis Catão, Universidad de São Paulo, Brasil

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PRESENTE Y FUTURO

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

Relaciones parásito - hospedero en garrapatas asociados a roedores y a carnívoros silvestres en diferentes niveles de perturbación del ambiente, posibles implicaciones para la transmisión de agentes infecciosos en el Noroeste Mexicano

Milena Arguello Sáenz1 | Andrea Chaves2 | Gerardo Acosta-Jamett3 | Gerardo Suzán1

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 3. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria y Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.

Ponente: Milena Arguello Sáenz, milenaarguellos@gmail.com

El conocimiento del papel de roedores y carnívoros silvestres en la dinámica de enfermedades transmitidas por garrapatas en la interfaz doméstico-silvestre mexicana sigue siendo limitado. Para comprender este papel es necesario identificar las relaciones hospedero-vector presentes en estos sistemas y el aporte al mantenimiento y transmisión de diferentes agentes. En este estudio se describieron las comunidades de roedores, carnívoros silvestres y garrapatas asociadas en tres estados del Noroeste Mexicano. Los roedores fueron capturados mediante trampas tipo Sherman ubicadas en tres sitios con diferentes niveles de perturbación. Se capturaron 693 roedores correspondientes a 28 especies y se extrajeron las garrapatas presentes. Se encontró una mayor riqueza y abundancia de roedores en el estado de Sonora y los sitios perturbados presentaron una mayor abundancia de roedores. 106 larvas y ninfas del género *Dermacentor* se hallaron en 29/693 roedores para un porcentaje de 4.1% de infestación. Las especies de roedores con mayor número de individuos con garrapatas fueron *Dipodomys merriami* (15), *D. ordii* (4) y *Peromyscus maniculatus* (3). Los carnívoros fueron capturados mediante trampas tipo Tomahawk y tipo cepo. Se capturó un total de 38 individuos correspondientes a 7 especies de carnívoros: *Mephitis macroura* (10), *M. mephitis* (9), *Procyon lotor* (5), *Lynx rufus* (4), *Vulpes macrotis* (4), *Urocyon cinereoargenteus* (3) y *Canis latrans* (3). De estos individuos un 10% presentaron infestación por garrapatas del género Ixodes. Adicionalmente se capturó 8 individuos de lagomorphos de la especie *Sylvilagus audubonii* en los cuales se identificaron garrapatas del género *Dermacentor* y *Rhipicephalus sanguineus s.l.* Los resultados preliminares muestran un patrón de preferencia de hospedero por parte de las especies de garrapatas colectadas separando los géneros presentes en roedores (*Dermacentor*) y en carnívoros (*Ixodes*). Estos patrones de asociación pueden tener importancia a la hora de entender la dinámica de patógenos presentes en estos individuos, el siguiente paso a realizar en el proyecto.

¿Son los parásitos un buen indicador del estado de salud de los ecosistemas de ríos?

Melissa Rebolledo 1 | Evelyn Habit 2 | Konrad Górski 3

1. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Departamento de Sistemas Acuáticos, Facultad de Ciencias Ambientales y Centro EULA – Chile, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 3. Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Melissa Rebolledo, melissa.rebolledo@gmail.com

Los ecosistemas de ríos entregan gran cantidad de servicios ecosistémicos y debido al intenso uso por la sociedad están expuestos a múltiples estresores antrópicos. Dentro de la cuenca del río Biobío, el canal principal se caracteriza por estar altamente intervenido por asentamientos urbanos, industrias, cambio de uso del suelo, regulación de caudal y alto grado de fragmentación. En tanto, la rama del tributario

del río Renaico, mantiene un régimen de caudal natural con menor intervención general de su cuenca. Estudiar la estructuración de las comunidades ecológicas, que son el resultado de la interacción entre factores abióticos y bióticos, permite dilucidar los efectos de los disturbios antrópicos sobre los ecosistemas. Si bien los peces han sido utilizados para evaluar respuestas de ecosistemas de ríos, sus parásitos han sido ignorados. El objetivo fue determinar los efectos de diversos estresores antrópicos sobre la estructura de comunidades parasitarias asociadas a ensambles de peces de ríos con geomorfología y grado de intervención contrastantes. Para ello se analizaron tres zonas de geomorfología fluvial homogénea (zonas de procesos funcionales; ZPF) en los ríos Biobío y Renaico. Se analizó un total de 10 especies de peces hospederas, presentes en ambos ríos. Se encontró un total de 13 especies parásitas: ocho digeneos, tres nemátodos y dos acantocéfalos. Las ZPF de mayor complejidad presentaron menor diversidad y abundancia parasitaria en ambos ríos (Pseudo-F= 6,5776; p < 0,01). El río más afectado por estresores antrópicos (Biobío) presentó menor diversidad y abundancia parasitaria en todas las ZPF (Pseudo-F = 19.977; p < 0.01). Estos resultados sugieren que zonas con mayor intensidad de estresores antrópicos podrían afectar la disponibilidad de hospederos para los parásitos, influyendo en sus ciclos de vida y transmisión. Por lo tanto, las comunidades parasitarias surgen como un potencial indicador de la salud de los ecosistemas de ríos. Fondecyt-1190647.

Estudio de la sarna sarcóptica y parasitosis gastrointestinal en vicuñas (*Vicugna vicugna mensalis*) tratadas con una formulación de ivermectina de larga acción en el Área de Manejo de vicuñas de la Comunidad de San Cristóbal, Lucanas, Ayacucho, Perú

Inés Milagros Limaymanta Zavala1 | Daniel Alexis Zárate Rendón1 | Samuel Edwin Pizarro Carcausto2 | Javier Arturo Ñaupari Vásquez2

1. Laboratorio de Parasitología, Departamento Académico de Nutrición, Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú; 2. Laboratorio de Ecología y Utilización de Pastizales, Departamento Académico de Producción Animal, Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú..

Ponente: Inés Milagros Limaymanta Zavala, milagroslz783@gmail.com

El recurrente problema de la sarna sarcóptica en vicuñas (Vicugna vicugna mensalis) ha generado la implementación de protocolos de tratamiento, en los cuales los animales afectados son aislados en corrales sanitarios para ser tratados con ivermectina. El presente estudio tuvo como finalidad, determinar la fauna y carga parasitaria en vicuñas tratadas con ivermectina de larga acción. Ciento sesenta y cuatro vicuñas, en Área de Manejo de vicuñas de la Comunidad de San Cristóbal, Lucanas, con lesiones de sarna fueron aisladas y dosificadas con ivermectina al 1% de larga acción (200 µg/kg PV). Ciento veinte días post tratamiento, se tomaron muestras de heces y raspados de piel a 32 animales del corral sanitario. Las muestras fueron trasladadas al Laboratorio de Parasitología, Facultad de Zootecnia, UNALM; donde se realizaron las técnicas coprológicas de flotación y McMaster modificada. Las muestras de piel fueron observadas al microscopio. Los resultados mostraron una prevalencia de 93,.8% (30/32) para parásitos gastrointestinales. Además, el 25% (8/32) de las vicuñas presentaron lesiones activas de sarna con presencia de *Sarcoptes scabiei*. Las especies de parásitos gastrointestinales identificadas fueron: Huevo tipo strongylus (HTS) 21.9%, *Nematodirus* sp. 43.8%, *Trichuris* sp. 31.3%, *Lamanema chavezi* 15.6%, *Moniezia benedeni* 9.4%, *Eimeria punoensis* 56.3%, *E. lamae* 50%, *E. alpacae* 40.5 % y *E. macusaniensis* 9.4%. La carga parasitaria promedio para cada especie evaluada fue HTS: 50 huevos por gramo (hpg) *Trichuris* sp.: 72 hpg, *L. chavezi*: 340 hpg, *E. punoensis*: 956 ooquistes por gramo (opg), *E. alpacae* 650 opg y *E. lamae* 590 opg. Los resultados de esta investigación confirman la necesidad de realizar estudios de eficacia de la ivermectina en vicuñas, contra sarna sarcóptica y nematodos gastrointestinales para optimizar los programas de manejo sanitario en esta especie de

importancia para muchas comunidades de las zonas altoandinas de Sudamérica y reducir el riesgo de resistencia antihelmíntica.

High detection rate of hemoplasma infection in free-ranging Neotropical primates from the Brazilian Amazon

Henrique Christino Lial1 | Victor Yunes Guimarães2 | Carlos Sacristan Yagüe3 | Roberta Ramblas Zamana1 | Ana Carolina Ewbank1 | Irene Sacristán4 | José Luiz Catão Dias1 | Arícia Duarte Benvenuto1

1. School of Veterinary Medicine and Animal Sciences – University of São Paulo, São Paulo, SP, Brazil; 2. College of Veterinary Medicine and Animal Sciences – São Paulo State University, Botucatu, SP, Brazil; 3. School of Veterinary Medicine and Animal Sciences – University of São Paulo, São Paulo, SP, Brazil/ Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), CSIC, Valdeolmos, Spain; 4. College of Veterinary Medicine and Animal Sciences – São Paulo State University, Botucatu, SP, Brazil 3Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), CSIC, Valdeolmos, Spain.

Ponente: Henrique Christino Lial, henriquelial@usp.br

Hemotropic mycoplasmas (hemoplasmas) are small, pleomorphic and uncultivable bacteria that infect several mammal species. Although usually asymptomatic, in some cases, severe hemolytic anemia has been described. In spite of the few reports on Neotropical primates (NTP), little is known about their epidemiology, transmission routes and pathogenicity. We investigated the occurrence of Mycoplasma spp. in blood samples of NTP (n=70) collected at the SINOP Hydroelectric Power Plant and Forest Park, Mato Grosso state, Brazil, between February and June 2019. Blood samples belonged to the families Pitheciidae (n=25), Atelidae (n=22), Cebidae (n=10), Callitrichidae (n=7), and Aotidae (n=6), comprising nine different NTP species. Hemoplasma DNA was detected by conventional nested-PCR targeting a 1100 bp fragment of 16S rRNA gene and confirmed by direct sequencing. Statistical analyses were performed to determine correlation with age class, sex, sampling site, and ectoparasite infestation. Overall, 62 (88.6%) NTP tested positive for hemoplasma, including 22/22 (100%) Atelidae, 7/7 (100%) Callitrichidae, 22/25 (88%) Pitheciidae, 8/10 (80%) Cebidae and 2/6 (33.3%) Aotidae. The detection rate was higher in comparison with previous reports of infection in NTP from Brazil (4.2%-64.3%). The preliminary analysis of the retrieved sequences showed 95-100% identity to the closest hemoplasma sequences available on GenBank (AB820288, AF338269, KT314163, MH734379), detected in NTP. Statistical analysis showed no significant correlation between infection and age class, sex, sampling site or ectoparasite infestation, indicating that hemoplasmas are equally affecting all the studied populations. This finding also suggests the occurrence of direct and indirect transmission routes. To the authors' knowledge, this is the first report of hemoplasma in the Aotidae, Callitrichidae and Pitheciidae families, and in the Ateles genus. Ongoing studies will evaluate if there is a correlation between hemoplasma infection and hematological parameters.

Seroprevalencia y variables del paisaje asociados a la exposición a *Toxoplasma gondii* en visón americano (*Neovison vison*) y en gatos domésticos (*Felis catus*) en el Bosque Lluvioso Valdiviano

Carlos Calvo-Mac1 | Gonzalo Medina-Vogel1

1. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.

Ponente: Carlos Calvo-Mac, calo.25388@gmail.com

Toxoplasma gondii es un protozoo zoonótico distribuido mundialmente. Tiene como

hospederos definitivos a los felinos y como intermediario a cualquier vertebrado endotérmico. Los gatos domésticos han llevado a este protozoo a distintos tipos de ecosistemas. En el Bosque Lluvioso Valdiviano (BLV), los gatos domésticos comparten el hábitat con otros felinos silvestres, esto junto a las condiciones ambientales hacen que la prevalencia de T. gondii en este ecosistema sean altas. Este trabajo presenta resultados preliminares de los factores asociados a la exposición a *Toxoplasma gondii* en gatos domésticos (*Felis catus*) y un hospedero intermediario, el visón americano (*Neovison vison*) en el BLV. Se determinó la exposición a T. gondii mediante la presencia de IgG usando un kit de ELISA en sueros de 178 visones y en 107 gatos. A cada individuo se le asignaron valores de variables del paisaje para poder realizar una regresión logística. Se obtuvo una seroprevalencia en *F. catus* de 59.8% (95% IC:49.9-69.2) y en N. vison de 65.2% (95% IC: 57.7-72.1). El uso de suelo de bosque nativo y el promedio de precipitaciones estuvo significativamente relacionado a la exposición a *T. gondii* en *N. vison*, mientras la densidad de personas estuvo significativamente relacionada a la exposición a *T. gondi*i en *F. catus*. La seroprevalencia para ambas especies fue similar a la de otros estudios en el BLV, con felinos y otros hospederos intermediarios. Existen diferentes factores asociados a la exposición a *T. gondii* entre un carnívoro doméstico y hospedero definitivo (*F. catus*) y un carnívoro silvestre invasor y hospedero intermediario (*N. vison*). Los resultados podrían indicar de un ciclo mediado por el ambiente y felinos silvestres en el caso de *N. vison* y mediado por la actividad humana en F. catus.

Ecoepidemiología Molecular de *Dioctophyme renale* en el Litoral Argentino y Sur de Brasil

Lucas Federico Arce1 | Florencia Facelli Fernández2 | Nahili Giorello3 | Marcos Butti4 | Lucas Luciano Maldonado5 | Juan Pablo Arrabal6 | María Belén Natalini7 | Martín Kowalewski7 | Daniela Pedrassani8 | Florencia Zilli9 | Gisela Raquel Franchini3 | Pablo Martín Beldomenico10 | Laura Kamenetzky5

1. Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica, FMED-UBA-CONICET, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina; 2. Instituto Nacional de Limnología, Santa Fe, Santa Fe, Argentina; 3. Instituto de Investigaciones Bioquímicas de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; 4. Cátedra de Parasitología Comparada, La Plata, Buenos Aires, Argentina; 5. Instituto de Biociencias, Biotecnología y Biología Traslacional, FCEN, UBA, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina; 6. Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMET) y Centro de Investigaciones del Bosque Atlántico (CeIBA), Puerto Iguazú, Misiones, Argentina; 7. Estacion Biológica De Usos Multiples Sede Corrientes, Ruta Provincial 8 KM 7 S/N, Corrientes, Argentina; 8. Departamento de Medicina Veterinária, Universidade do Contestado, Canoinhas, Santa Catarina, Brasil; 9. Instituto Nacional de Limnología, Santa Fe, Santa Fe, Argentina; 10. Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina.

Ponente: Lucas Federico Arce, lucasfarce.lfa@gmail.com

Dioctophyme renale es un nemátodo parásito que produce infecciones debilitantes e incluso fatales en el riñón de mamíferos (principalmente del orden Carnivora). En el litoral argentino hay numerosos reportes de este parásito en fauna doméstica y silvestre incluyendo al aguará guazú (*Crysocyon brachyurus*) entre las especies afectadas. A partir de la obtención del genoma completo de *D. renale*, se ensambló preliminarmente su genoma mitocondrial y se diseñaron oligonucleótidos de ADN para la amplificación específica de dos regiones. Una correspondiente al gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COXI) y otra al gen de la subunidad 4 de NADH deshidrogenasa (ND4). Se obtuvieron los productos de amplificación de 44 adultos de D. renale provenientes de perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) y aguará guazú de Argentina (Buenos Aires, Santa Fe, Corrientes, Chaco); y perros, gatos (*Felis catus*) y hurón menor (*Galictis cuja*) de Brasil (Parana, Santa Catarina, Rio Grande do Sul). Las secuencias obtenidas se analizaron mediante construcción de redes de haplotipos y filogenias de máxima verosimilitud y bayesianas comparándolas con toda la información disponible en bases de datos especializadas. Se observaron 18 variantes

genéticas locales de Sudamérica, todas ellas presentes tanto en fauna silvestre como en doméstica, y en nodos diferenciales respecto a las secuencias de Asia y Norteamérica con un rango de distancia genética de 0,11. En este trabajo se observó por primera vez, mediante estudios moleculares, que los *D. renale* sudamericanos poseen información genética diferencial respecto a los demás registros del mundo. Estos resultados indicarían que este parásito ha estado en la región el tiempo suficiente como para desarrollar variantes genéticas locales. También se observó flujo génico entre las localidades analizadas y entre especies hospedadoras.

Proyecto Colaborativo SNAPP: Abordando los impactos de la sarna sarcóptica en los camélidos sudamericanos silvestres

Ana Gallegos Carrillo1 | Emiliana Isasi-Catalá1 | Leonardo Hostos Olivera1

1. Wildlife Conservation Society.

Ponente: Ana Gallegos Carrillo, agallegos@wcs.org

La sarna sarcóptica es una enfermedad cosmopolita que actualmente está afectando a los camélidos sudamericanos (CSA) y si bien en los Altos Andes y la Patagonia, el aprovechamiento sostenible protege a especies como la vicuña y guanaco de la caza furtiva, estas están ahora amenazadas por esta enfermedad potencialmente mortal. El objetivo de esta iniciativa de investigación colaborativa fue obtener evidencias que permitan entender la severidad e impacto de la sarna en poblaciones de CSA, los factores asociados a la prevalencia y severidad de la enfermedad y la efectividad de los tratamientos veterinarios. La investigación se realizó utilizando información ya existente, proveniente de registros de captura y esquila y de la revisión sistemática de documentos publicados utilizando la metodología de conservación basado en evidencias. Ciento treinta y dos documentos fueron incluidos en la revisión luego de evaluar sus aportes y la calidad de la información, obteniéndose más de 200 registros de CSA con sarna en 4 países, entre los años de 1978 y 2019; 41 registros de tratamientos aplicados a CSA principalmente en Perú y 96 registros de percepciones sobre la prevalencia de la enfermedad, efecto de factores ambientales y del manejo y sobre la efectividad del tratamiento. Adicionalmente se obtuvieron 1408 registros de captura y esquila en Perú y Bolivia de los años 2008 al 2019. La información recopilada servirá para ampliar el conocimiento que se tiene sobre esta enfermedad en CSA, identificar vacíos de información que ayuden a guiar nuevos proyectos de investigación y proponer estrategias de manejo de CSA que incluyan no sólo acciones para mitigar la enfermedad sino para llevar un adecuado seguimiento del estado de salud de las poblaciones de estas especies altoandinas.

Host heterozygosity and resistance to hookworm infection in South American fur seal (*Arctocephalus australis*) pups

Josefina Gutiérrez1,2 | Mauricio Seguel3 | Pablo Saenz-Agudelo4 | Gerardo Acosta-Jamett5 | Claudio Verdugo1

1. Ecology and Evolution of infectious Diseases Lab, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Programa Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Department of Pathobiology, Ontario Veterinary College, University of Guelph, Canada; 4. Instituto de Ecología y Evolución, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 5. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Josefina Gutiérrez Domínguez, josefinagutierrezd@gmail.com

Genetic variability is correlated to infection resistance in wildlife, however it is a

challenge to evaluate this in natural populations. Hookworm disease (*Uncinaria* sp.) is one of the main causes of pup mortality in several Otariid species, including the South American fur seal (*Arctocephalus australis*, SAFS), although many of the factors that influence infection susceptibility are still unknown. We evaluated whether the individual genetic diversity is associated with resistance to hookworm infection in SAFS pups from the largest colony of the Pacific Ocean. Using 15 microstallites, we genotyped 107 pups with different hookworm burden and calculated the individual homozygosity by loci (HL), a negative estimate of genetic variability, and other physiological parameters that influence disease susceptibility and severity (i.e., Scaled Mass Index (SMI) and anti-hookworm IgG levels). Uninfected pups had higher heterozygosity (lower HL values) compared to parasitized individuals (t=-2.799, df=15.326, p=0.013), suggesting an association between heterozygosity and parasite resistance (i.e. heterozygosity advantage). Likewise, pups that died of hookworm infection had lower heterozygosity (higher HL values) than those that died of non-infectious causes (t=2.246, df=10.277, p=0.024). Thus, the relationship between the HL and chances of infection increases proportionally and is maximized in high levels of homozygosity (df=90, z-value=2.149, p=0.032; OR=1.075; CI95%1.011-1.157). Interestingly, pups that cleared hookworm infection, and survived, had similar heterozygosity compared to pups that died of hookworm disease (df=2, F-value=1.896, p=0.159). However, pups that cleared infection had higher SMI (df=2, F-value=12.04, p=0.00004) and parasite specific IgG levels compared to those that died of hookworm disease. This study reinforces that genetic variability plays a significant role in the resistance and mortality to hookworm infection in SAFS pups. However, once infected, parasite clearance is more significantly associated with factors such as the individual condition and the adaptive immune response which depend on maternal care and nutrition quality in lactating pups. ANID scholarship N° 21201700.

Data Collection and Management Tools for Wildlife Health Surveillance

Diego Montecino-Latorre1 | Bevan Federko2 | Kevin Brown2 | Jonathan Palmer3 | Chris Walzer5 | Luis Guerra5 | Mariana Montoya6 | Sarah Olson7 | Mathieu Pruvot8

1. WCS – Chile; 2. Canadian Wildlife Health Cooperative; 3. WCS Conservation Technology; 4. WCS Health Program; 5. WCS – Guatemala; 6. WCS – Peru; 7. WCS Health Program; 8. University of Calgary and WCS Health Program.

Ponente: Diego Montecino-Latorre, dmontecino@wcs.org

Wildlife Health Surveillance (WHS) requires the generation and management of diverse data. For a WHS system to deliver intelligence for management and response, such data (e.g., geolocation, species involved, animals sampled, necropsies, samples, and tests) must be standardized, safely and securely stored, and easily shared across stakeholders. Therefore, affordable, flexible, sustainable, and easy-to-use digital tools supporting these processes are key. As part of the WildHealthNet initiative, we piloted SMART for Health (SfH) in conjunction with the Wildlife Health Intelligence Platform database (WHIP) to support data collection and management. SfH is an adaptation of the Spatial Monitoring and Reporting Tool (SMART), a suite of technological tools originally developed for law enforcement in protected areas. SfH supports the smooth digital recording of wildlife health events using smartphones. To centrally manage data we customized WHIP, a database for Wildlife Health Surveillance` developed by the Canadian Wildlife Health Cooperative. New features expand the hierarchical data structure to include observed-only individuals per species, environmental specimens, and diagnostic tests for individual samples. WHIP was also optimized to accommodate diverse surveillance designs or past surveillance efforts, and structured studies. The current versions of these tools are the outcome of field testing by stakeholders in South-East Asia; and iterative design, feedback, and improvement cycles. Their use is being expanded to Guatemala, Belize, Mexico, and Perú. Manuals, data glossaries, and training materials are available and translated. Data structure in SfH and WHIP are consistent and SMART-to-WHIP data transfer is under development. The long-term expertise embedded in SMART and WHIP, their

expected sustainability, the current use of SMART in several protected areas in Latin America, and our successful deployment of these tools, underscore SMART-WHIP as a promising choice to support WHS systems regionally and globally.

Aproximaciones ecológicas para el estudio de enfermedades infecciosas en la frontera norte de México

Gerardo Suzán1

1. Departamento de Etología, Fauna Silvestre y Animales de Laboratorio, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, México D.F, México.

Ponente: Gerardo Suzán, gerardosuz@gmail.com

Enfermedades zoonóticas emergentes y reemergentes como el Síndrome Pulmonar por Hantavirus, Peste Bubónica, Fiebre Hemorrágica por Arenavirus, Bartonelosis, Rickettsiosis y Leptospirosis entre otras, se han reportado en el sur de los Estados Unidos. Al contrario, en México se desconoce su impacto en la salud pública y poco se conoce de su mantenimiento en mamíferos silvestres reservorios y en artrópodos vectores. En este trabajo mostramos una serie de estudios multihospedero-multivector-multipatógeno realizados sistemáticamente por más de 15 años en la frontera norte. Utilizamos enfoques que van desde poblaciones, metapoblaciones y comunidades a escala alfa, beta y gamma, así como enfoques macroecológicos y filogenéticos de enfermedades transmitidas de manera directa, por vectores, por agua y por el suelo. Identificando la presencia de arenavirus, hantavirus, protoparvovirus, distemper canino, leptospiras, bartonellas, salmonelas, campilobacter y diferentes variantes de *E. coli* en mamíferos silvestres. Identificamos patrones de distribución y ensamble de especies de vectores (pulgas y ácaros) transmisores de diferentes infecciones. Caracterizamos ampliamente el sistema de bartonella en vectores y hospederos, identificando patrones ecológicos y evolutivos. Se estableció información base para diferentes tipos de *Rikettsias* en diferentes especies de vectores y hospederos que son importantes para la región en materia se salud pública. Identificamos el papel de las especies claves como los perritos de las praderas en el control de diferentes especies de roedores y de la infección por hantavirus en la comunidad. Simultáneamente se han identificado las variables bióticas y abióticas que determinan la diversidad y abundancia de infecciones, vectores y hospederos y se ha desarrollado modelos locales y regionales para identificar zonas de riesgo. Utilizando estos estudios con metodologías integradas, con enfoque transdisciplinario y con monitoreo sistemático en animales silvestres se busca incidir en políticas públicas, en prevención estratégica y en la elaboración de modelos para escenarios de riesgo para enfermedades emergentes y reemergentes.

Aplicando el enfoque Una Salud para la investigación y prevención de enfermedades transmitidas por roedores en la región Amazónica del Departamento de La Paz-Bolivia

Erika Alandia Robles1 | Rolando Limachi Quiñajo1 | Miguel A. Quispe Gonza2 | Jaime L. Huaynoca Villca2 | Karla Espinoza Sanabria2 | Jimmy Revollo Guzmán3 | Roxana Loayza Mafayle3 | Karina Flores Pinto1 | Nelly Mendoza Loayza33 | Jhonatan Marquina Salas3 | Helle Ager Hager4 | Liza Rosenbaum Nielsen5

1. Fundación Teko Kavi; 2. Servicio Departamental de La Paz, Bolivia; 3. Centro Nacional de Enfermedades Tropicales, Bolivia; 4. Danish International Settlement Service - DIB, Denmark; 5. Department of Veterinary and Animal Sciences, University of Copenhagen, Frederiksberg, Denmark.

Ponente: Erika Alandia Robles, ealandia.vet@gmail.com

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

El norte amazónico del departamento de La Paz, Bolivia, es una zona con acelerado cambio de uso de suelos fruto de la intensa actividad minera, del crecimiento de monocultivos, y la consecuente deforestación. En los últimos años, en esta región se observa un incremento importante de enfermedades transmitidas por roedores (ETRs), incluyendo una nueva variante de Arenavirus, el virus Chapare-like, que causó la muerte de 5 personas en 2019. Ante este panorama, Fundación Teko Kavi, junto con las autoridades de salud pública, sanidad animal y el laboratorio de referencia nacional para enfermedades tropicales, desarrolló actividades de investigación, habiendo detectado una importante prevalencia de exposición a Hantavirus, virus Chapare-like y Leptospirosis en dos poblaciones humanas (Popoy y Remolino) del municipio de Palos Blancos. A fin de promover la prevención de estas enfermedades en las zonas de trabajo, se elaboró un programa articular de educación en salud destinado a promover la vigilancia comunitaria y donde los estudiantes de colegio se constituyen en el pilar para la prevención mediante la difusión de información en sus comunidades y los impulsores de prácticas comunitarias que ayuden a detectar, prevenir y controlar oportunamente casos de ETRs. El programa educativo que incluye el uso de guías metodológicas para docentes y material didáctico para los estudiantes (láminas educativas, videos, juegos y rondas), está siendo implementado por centros educativos en las comunidades de estudio y por personal de salud de otros municipios de riesgo en el departamento de La Paz. El uso del enfoque Una Salud, el cual es integrador, unificador y promueve la participación de múltiples sectores, disciplinas y miembros de las comunidades, está permitiendo incrementar el conocimiento sobre la circulación de las ETRs, su impacto en la salud de las poblaciones humanas y los riesgos de su emergencia en un paisaje con marcados cambios antropogénicos.

Evaluación preliminar de un Corredor Biológico en Costa Rica donde las dantas y los caballos conviven: posible transmisión de parásitos interespecie

Jorge Rojas Jiménez1

1. Warnell School of Forestry and Natural Resources, The University of Georgia, Athens, Georgia 30602, USA / 2. Costa Rica Wildlife Foundation, 10101 San Jose, Costa Rica.

Ponente: Jorge Rojas Jiménez, jorge.Rojas@uga.edu

Los corredores biológicos presentan interacciones humano-vida silvestre. En el Corredor Biológico Tenorio-Miravalles (CBTM), en Costa Rica, la danta centroamericana (*Tapirus bairdii*) ha cambiado su comportamiento, desplazándose fuera de áreas protegidas y moviéndose a través de fincas, mientras consumen cultivos e interactúan con personas y animales domésticos. Aunque las enfermedades infecciosas no han sido una preocupación significativa para la conservación de las dantas, este cambio en el comportamiento puede alterar la dinámica de algunos patógenos provenientes principalmente de los caballos. En esta investigación, nuestros objetivos son: 1) monitorear las ubicaciones de las dantas al colocarles radiocollar, para analizar sus patrones de movimiento, y determinar los puntos críticos de conflicto humano-danta, 2) implementar cámaras trampa para evaluar la distribución de las dantas, 3) identificar el grupo, género y/o especie de parásitos gastrointestinales que se encuentran en las heces de caballos y dantas mediante la flotación y evaluación morfológica, y 4) comparar los parásitos encontrados para identificar un riesgo potencial de transmisión interespecie caballo-danta, en el CBTM. Desde 2021, hemos radiocollareado a 7 dantas, y hasta ahora hemos encontrado variabilidad individual en el uso del hábitat, incluidos bosques primarios, parches de regeneración, ríos, cultivos y pastizales, lo que nos permitió determinar los puntos críticos de interacción caballo-danta. Analizamos 16 muestras de heces de caballos y 13 de dantas, con la identificación de parásitos de los grupos Strongylidae y Anoplocephalidae, y de *Balantidium coli* en ambas especies, además de *Tziminema unachi* y *Buisonella tapirii* en las dantas. Estos resultados sugieren que los corredores biológicos implican una mayor interacción animales domésticos y silvestres, por lo que la transmisión de patógenos interespecie

es un riesgo a tomar en cuenta para la salud de especies amenazadas, como la danta.

Assessment of the occurrence and impacts of Batrachochytrium dendrobatidis infection in the highly threatened Andean water frogs (*Telmatobius* spp.)

José Fernando Aguilera González1 | Claudio Azat Soto1 | Alessandro Catenazzi2 | Ignacio De la Riva3 | Patricia A. Burrowes4 | Tracie A. Seimon5 | John Cossel Jr.6 | Roberto Elías Piperis7 | Romina Ghirardi8

1. Sustainability Research Centre & PhD in Conservation Medicine Program, Life Sciences Faculty, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; 2. Department of Biological Sciences & Institute of Environment & Latin American and Caribbean Center, Florida International University, USA; 3. Department of Biodiversity and Evolutionary Biology, National Museum of Natural Sciences-CSIC, Madrid, Spain; 4. Department of Biology, University of Puerto Rico, San Juan, Puerto Rico; 5. Wildlife Conservation Society, Zoological Health Program, Bronx Zoo, Bronx, NY, USA; 6. Biology Department, Northwest Nazarene University, Nampa, Idaho, USA; 7. Faculty of Veterinary Medicine and Zootechnics, Peruvian University Cayetano Heredia Peru; 8. National Institute of Limnology (INALI, CONICET-UNL), National Council for Scientific and Technological Research. Santa Fe, Argentina.

Ponente: José Fernando Aguilera González, mvzferglez@gmail.com

Amphibian chytridiomycosis, caused by *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd), has been associated with the greatest loss of biodiversity due to a single pathogen. Globally, amphibians living at high altitudes and wet climates exhibit high Bd prevalence and chytridiomycosis-related mortalities. Among the groups experiencing the greatest population declines and extinctions due to Bd are *Telmatobius* spp., a group of 63 aquatic and highly threatened species, distributed across the central Andes of South America. To provide an evidence-based approach to assess the extent and consequences of Bd to Telmatobius, we conducted epidemiological analyses using Bd prevalence and Bd infection intensity data. We analyzed quantitative real-time PCR data of 2,618 *Telmatobius* individuals sampled from 2000 to 2021. The information came from scientific literature (n=2,202) and a set of unpublished data (n=416) generated by the authors. Data included 18 species of *Telmatobius*, distributed in six ecoregions. Overall Bd prevalence was 49% (CI:47-51%), and was greater in tadpoles than adults (52%, CI:49-54% vs. 42%, CI:39-45%; x2=23.1, p<0.01). Also, the Central Andean Puna showed a higher Bd prevalence (61%, CI:57-65%) compared to other ecoregions (x2=291.08, df=5, p<0.01). Infection intensities ranged from 0 to 11,600 genomic equivalents (GE) in tadpoles, and from 0 to 101,861 GE in adults. Among infected frogs, 95% had low (0.01-999 GE), 4% moderate (1000–9,999), and less than 1% high Bd loads (≥10,000 GE). Between ecoregions, the Central Andean Wet Puna (583 [GE], CI:81.4-1,085) had the highest mean Bd infection intensity (Kruskal-Wallis x2=208.62, df=5, p<0.01). At species level, *Telmatobius chusmisensis* (1,895 [GE], CI:902-2,888) exhibited higher Bd loads, followed by *T.culeus* (632 [GE], CI:0-1,390) and *T.marmoratus* (587 [GE], CI:0-1,180). Our study is the first to assess the impacts of Bd in the family Telmatobidae, adding key information to guide strategies to mitigate the effects of Bd in this threatened taxa. Funding: Fondecyt Regular 1211587.

Patrones espacio-temporales de exposición y excreción de Distémper canino en perros domésticos y zorros silvestres en la interfase rural de la región de Coquimbo, Chile

Felipe Hernández Muñoz1,2, Michelle Cueva Pazos1,3, Isabel M. Aguirre4, Edith A. Mancilla4, Claudio Verdugo4,2, Gerardo Acosta-Jamett1,2

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral

de Chile, Valdivia, Chile; 3. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 4. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Felipe Hernández Muñoz, felipe.hernandez@uach.cl

El virus distémper canino (VDC) afecta a diversas especies de mamíferos. Se describe que perros domésticos son los reservorios de este virus produciendo mortalidad y amenazando carnívoros silvestres en diversas partes del mundo. En este estudio evaluamos si las poblaciones de perros domésticos cercanos a áreas urbanas actúan como fuente de infección de VDC para especies de zorros silvestres en la región de Coquimbo, Chile. Este es un estudio prospectivo que se realizó en primavera y verano austral entre 2018 a 2020, muestreando sangre e hisopados de perros no vacunados con dueño y zorros en tres sitios dependiendo de la cercanía a zonas urbanas (periurbano, rural y silvestre). Los dueños de los perros fueron encuestados sobre potenciales factores asociados al contagio con VDC. Las viviendas y lugar de capturas de zorros fueron georeferenciados para evaluar factores espaciales. Se determinó la presencia de anticuerpos con prueba seroneutralización, qPCR dirigido al gen H para determinar excreción viral, y posteriormente secuenciación. Utilizamos GLMM en perros y GLM en zorros para evaluar factores asociados a exposición/excreción de VDC. Se obtuvieron 413 muestras de 185 perros pertenecientes a 64 casas, y 116 muestras de 111 zorros. La seroprevalencia en perros fue de 61% sin diferencias entre sitios, pero presentando una disminución en la excreción entre temporadas (5% a 1,5%). La seroprevalencia en zorros fue mayor en sitios periurbano (29%) y rural (23%) comparado con silvestre (9%), exhibiendo marcada disminución entre temporadas (31% a 11%); mientras que la prevalencia de excreción aumentó entre temporadas (2% a 11%), particularmente en periurbano. Estudios filogenéticos determinaron la circulación de cepas de VDC en poblaciones de perros pertenecientes a diferentes clados (Europa 1/Sudamérica 1 y *Chile-like*), mientras que la caracterización de VDC detectados en zorros se encuentra aún en curso. Fondecyt 1180119 y 3180111.

The virome of bats captured at urban parks from a Brazilian megalopolis, 2013-2020

Roberta Marcatti1 | Marcello Nardi2 | Juliana Summa2 | Adriana Ruckert da Rosa4 | Vanessa Morais1 | Debora de Oliveira3 | Antônio Charlys da Costa1 | Ester Cerdeira Sabino4

1. Tropical Medicine Institute - University of Sao Paulo, Brazil; 2. Secretariat of Green and Environment of the Sao Paulo City, Sao Paulo, Brazil; 3. Secretariat of Health of the Sao Paulo City, Sao Paulo, Brazil; 4. Tropical Medicine Institute and Faculty of Medicine - University of Sao Paulo - USP, Brazil.

Ponente: Roberta Marcatti, robertamarcatti@usp.br

Anthropogenic changes in the environment can influence the dynamics of infectious diseases, which are associated with the interface of tropical forest environments with high levels of biodiversity, agricultural communities and high population density of humans and domestic animals. Bats represent a quarter of all mammal diversity in the world, with more than 1,200 species. Urban parks are places of great human, domestic and wild animal densities. There are 107 parks in the city of Sao Paulo (Brazilian Southeast region), many of them located in central urban areas. This study aimed to survey possible viral zoonotic agents present in 859 blood samples and oral and anal swabs, through metagenomic analysis, in free-living bats captured in urban parks in the city of São Paulo, in the period from 2013 to 2020. Free-living bats were captured from 8 parks in the city of São Paulo, totaling 879 individuals of 16 genera and 53 species. 145 pools of blood, oral and anal swab samples were collected and processed following laboratory protocols for viral metagenomics, using the Illumina NovaSeq 6000 platform and subsequently, pipelines for detection and classification of viral fragment sequences were applied. Preliminary results focused on the

classification of viral families. A great diversity was found, totaling 35 viral families (figure 1), 16 of them considered of Public Health importance and many others still not described in Brazil. Describing and characterizing the viral diversity in bats from urban green areas can contribute to the cataloging of viruses circulating in the country. Sequencing these viral fragments allows us to analyze which ones may be at risk of transmission to other animal hosts (spillover) and/or even directly to humans. This early detection allows preventive and warning actions to be taken, both by the scientific community and by government public management.

Serological, molecular and pathological survey of infectious agents in pudu (*Pudu puda*) in Chile

Ezequiel Hidalgo Hermoso1

1. Departamento de Conservación e Investigación, Fundación Buin Zoo.

Ponente: Ezequiel Hidalgo Hermoso, conservacion@buinzoo.cl

Wildlife pathogens surveillance is essential for the early identification of disease occurrence and emerging threats that pose a health risk to animal and human populations. Collateral benefits are the improvement of regional preparedness, estimating the impact of these pathogens on ecosystems and identifying areas that should be prioritized for funding. However, Chile lacks of Governmental funding for wildlife disease monitoring programs and published scientific information about the susceptibility of native wildlife to infectious pathogens is rather limited. Here we present the findings of 11 years of surveillance on the Southern pudu (Pudu puda) using laboratory diagnosis, clinical records and pathologic findings for detect the presence and impact of various pathogens in Chile and such as answer the question: are infectious diseases underdiagnosed in pudu in Chile? Samples of wild (150) and captive pudu (55) from Chile were tested using molecular detection (blood/stool/tissues) and serology for adenovirus, herpesvirus, pestivirus, rotavirus, hepatitis E, circovirus, Sars-Cov 2, *Brucella abortus*, *Leptospira interrogans*, *Mycobacterium bovis*, *Mycobacterium avium paratuberculosis*, *Chlamydia abortus*, *Coxiella burnetii*, *Bartonella,* Hemoplasms, Anaplasms, Piroplams, *Neospora caninum* and T*oxoplasma gondii*. We found evidence of exposure or infection to 15 infectious agents including the first report of CaHV-2, *Mycoplasma ovis-like*, *Anaplasm*a sp. and *Babesia* sp. in wild ungulates in Chile, and the first report of *Chlamydia abortus* in Chilean wildlife. Clinical and pathological findings suggest that viral pathogens could be causing infectious abortions and malignant catarrhal fever in pudu. Our results suggest that infectious diseases are an emerging and neglected threat for wild and captive pudus in Chile, and this species has the potential to host various zoonotic agents. More epidemiologic and pathology studies are urgently needed to understand the role of infectious diseases in the cases of dog attacks and runovers in free-ranging populations of pudu in Chile.

Virus de influenza A en roedores silvestres: una relación poco estudiada en México

Karen Elizabeth Rivera Rosas1 | Brenda Aline Maya Badillo2 | Guillermo Orta Pineda3 | José Iván Sánchez Betancourt4 | Diego Zavala Vasco4 | Ángel Rodríguez Moreno5 | José Juan Flores Martínez5

1. Laboratorio de Investigación del Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia (FMVZ), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); 2. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM; 3. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, FMVZ, UNAM; 4. Laboratorio de Investigación del Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos, FMVZ, UNAM; 5. Laboratorio de Sistemas de Información Geográfica, Departamento de Zoología, Instituto de Biología, UNAM.

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

Ponente: Karen Elizabeth Rivera Rosas, karen24@comunidad.unam.mx

El estudio de la ecología de virus de influenza A es importante debido a su alta capacidad de evolucionar y adaptarse a múltiples hospederos que incluso podrían no estar considerados en los ciclos de transmisión reportados. Los roedores son reservorios de diversos agentes infecciosos zoonóticos por lo que adquieren relevancia para el estudio de la relación que pueden tener con los virus de influenza A. Los principales objetivos de este estudio son: identificar la exposición y la infección por virus de influenza A y el efecto que tiene el cambio de uso del suelo sobre la prevalencia de estos virus en las comunidades de roedores silvestres. El área de estudio se encuentra en el estado de Campeche, localizado en el sureste de México. Se utilizaron 100 trampas Sherman colocadas en el interior del bosque de 18 sitios con diferente nivel de perturbación antropogénica. Se determinará la composición del paisaje de los sitios a través de imágenes satelitales y se clasificará el tipo de matriz del paisaje. Para conocer la seroprevalencia de los roedores a virus de influenza A se utilizará una ELISA comercial y para la prevalencia molecular se realizará la extracción del RNA viral y una RT-qPCR a partir de raspados orofaríngeos, raspados rectales y órganos clave. Con un esfuerzo de muestreo total de 3600 trampas-noche se capturaron 130 roedores con un éxito de captura de 3.66% y una riqueza de ocho especies. Las especies más abundantes fueron *Heteromys gaumeri* (26.15%), *Peromyscus yucatanicus* (23.85%) y *Ototylomys phyllotis* (21.54%). Nuestros resultados permitirán ampliar el conocimiento de la ecología de virus de influenza A en hospederos silvestres con una amplia complejidad de interacciones ecológicas en ambientes tropicales modificados por las actividades antropogénicas.

Circulación de Parvovirus canino en perros y zorros de vida libre en la interfaz rural de la región de Coquimbo, Chile

Michelle Cueva Pazos1 | Felipe Hernández Muñoz2 | Isabel Aguirre Gil3 | Edith Alejandra Mancilla Nova3 | Gerardo Acosta-Jamett 4

1. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile. 2 Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 4 Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Michelle Cueva Pazos, mishicueva@yahoo.com

Parvovirus canino (PVC) afecta perros domésticos y carnívoros silvestres causando gastroenteritis y muerte principalmente en animales jóvenes. En el presente estudio evaluamos la prevalencia de PVC y factores asociados en perros domésticos y zorros silvestres (*L. culpaeus* y *L. griseus*) en un gradiente de antropización en la región de Coquimbo, Chile. En primavera y verano entre 2018 a 2020 se muestrearon perros no vacunados y zorros silvestres mediante torulados oculo-nasal y rectal en tres áreas (periurbano, rural y silvestre). Se realizaron encuestas a los dueños de los perros sobre posibles factores asociados a infección con PVC. Se georeferenciaron viviendas y lugares de captura para evaluar factores espaciales con ArcGis. Mediante qPCR dirigido al gen VP2 se determinó la presencia de PVC. Se usó GLMM en perros y GLM para zorros para evaluar factores asociados a la presencia de PCV. En total, 184 perros fueron muestreados provenientes de 64 casas, y 111 zorros de vida libre. Algunos animales fueron re-muestreados, obteniéndose 408 muestras de perros y 116 muestras de zorros. La prevalencia en perros disminuyó entre las temporadas de muestreo (91% a 17%), obteniéndose una prevalencia más alta en las áreas periurbano y silvestre comparado con rural, una mayor prevalencia en áreas con alta densidad de viviendas, y un incremento en perros de menor edad. Por otro lado, la prevalencia

en zorros también disminuyó (100% a 13%) entre las temporadas de muestreo, sin encontrar otros factores relevantes. Nuestros resultados sugieren la ocurrencia de un brote de PVC tanto en perros como en zorros, principalmente asociado a áreas de gran densidad de perros, lo cual sugiere una circulación de este virus entre poblaciones de cánidos en el área. Estudios filogenéticos están en desarrollo para determinar las cepas de este virus que circulan en estas poblaciones. Fondecyt 1180119 y 3180111.

Molecular detection of chlamydial agents in pinnipeds from the north coast of San Matias Gulf (Patagonia, Argentina)

Javier Anibal Origlia1 | Gustavo Daneri2 | Marco Tizzano3 | Hernan Sguazza3 | Ana Harrington2 | Esperanza Varela2 | Maria Estela Cadario4

1. Catedra de Patología de Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina; 2. Museo Argentino Ciencias Naturales "Bernardino Rivadavia" (MACN-CONICET), CABA, Argentina; 3. Laboratorio de Virología, Facultad Ciencias Veterinarias Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; 4. Departamento Bacteriología. INEI-ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán". Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina.

Ponente: Javier Anibal Origlia, javieroriglia@yahoo.com

Chlamydial agents have been described in a wide range of vertebrates. Despite this, few information is available on these bacteria in marine mammals. The aim of this study was the detection and molecular characterization of Chlamydiaceae in pinnipeds that inhabit the marine littoral zone of Río Negro province (Argentina). Between December 2017 and March 2022, respiratory samples were obtained from 12 pinniped specimens (5 alive and 7 dead) from Punta Bermeja and Promontorio Belen rookeries located on the north coast of the San Matías Gulf. Two Mirounga leonina (SES) and three Otaria byronia (SASL) individuals were anesthetized and nasal swabs were subsequently obtained. Additionally, nasal and/or tracheal swabs were taken from seven SASL specimens found dead with a grade 2 carcass conservation status. All samples were stored in transport medium and refrigerated. After DNA extraction with a commercial kit, a Chlamydiaceae-specific qPCR (23S rRNA) was performed and positive samples were rechecked with a *Chlamydia psittaci*-specific qPCR (*ompA*). An endpoint PCR (ompA) was used to obtain products to be sequenced. From 16 samples examined (12 nasal swabs and 4 tracheal swabs) *Chlamydiaceae* was identified in 3 nasal swabs (1 SES and 2 SASL) and in 1 tracheal swab with traces. All samples were negative for detection of *Chlamydia psittaci*. It was possible to sequence one of the nasal samples which showed 92.8% identity with *Chlamydia felis* when analyzed with BLAST. This is the first report of *Chlamydiaceae*-DNA being found in SES and SASL. Taking into account this finding, we consider of great importance to enhance this type of studies on the different populations of pinnipeds in Argentina and elsewhere. This will permit to determine whether or not these microorganisms are pathogenic and if they are typical of pinnipeds or they derive from anthropogenic impacts.
Funds were partially provided by Zebra foundation.

Análisis de patrones sobre la relación entre la diversidad y la prevalencia de patógenos: el Virus del Oeste del Nilo en Norteamérica

Oscar Rico-Chávez1 | Adrian Serrano-Villagran2 | David Roiz3 | Audrey Arnal3

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, FMVZ, UNAM; 2. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, FMVZ, UNAM: 3. Institut de Recherche pour le Développement, France IRD.

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

La abundancia e identidad de los hospederos competentes son factores importantes

para entender la relación entre la riqueza de especies y la prevalencia de enfermedades. El VON representa un excelente modelo para estudia dicha relación. Nuestro objetivo fue analizar la relación entre la presencia y prevalencia del VON en Norteamérica con la riqueza de aves en un gradiente temporal. Las aves fueron clasificadas como migratorias y no migratorias y como Passeriformes y no Passeriformes. Esto se realizó a partir de datos obtenidos de reportes de aves expuestas a VON en Norteamérica, acorde con tres periodos temporales, a) introducción de la cepa NY99 en Norteamérica, b) surgimiento de las cepas WN02 y SW03 y c) el mantenimiento de éstas. Se realizó un análisis descriptivo entre la presencia/ausencia de VON y las especies de aves registradas junto con un modelo lineal generalizado mixto con factores aleatorios (GLMM), por cada periodo de tiempo. Para el segundo periodo los resultados sugieren patrones positivos entre la prevalencia de VON con la riqueza de aves Passeriformes (F = 3.1, P = 0.001*) y las aves no migratorias no Passeriformes (F = 4.3, P = 0,.000*). Mientras que para el tercer periodo se encontraron patrones negativos entre la prevalencia de VON con la riqueza especies de aves (F= -5.4265, P= 5.21e-06*). Este es el primer estudio que se enfocó en analizar el efecto de dilución considerando la variación temporal de las diferentes cepas de VON en las comunidades de aves de Norteamérica, lo cual nos ha permitido explicar parte del papel de las aves, según su orden taxonómico y estatus migratorio, así como la posible relación entre las diferentes cepas y las aves positivas a VON. Nuestros resultados sugieren incorporar no sólo la riqueza de especies sino las características de éstas en los programas de vigilancia epidemiológica.

Herpesvirus and Adenovirus surveillance in threatened wild Antillean (*Trichechus manatus manatus*) and Amazonian manatees (*Trichechus inunguis*), Brazil

Aricia Duarte-Benvenuto1 | Ana Carolina Ewbank1 | Roberta Zamana-Ramblas1 | Irene Sacristán2 | Samira Costa-Silva1 | Vitor L. Carvalho3 | Daniela Magalhães Drummond de Mello4 | Vera Maria Ferreira da Silva4 | José Luiz Catão-Dias1 | Carlos Sacristán 2

1. School of Veterinary Medicine and Animal Sciences – University of São Paulo, São Paulo, SP, Brazil; 2. Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA-INIA), CSIC, Valdeolmos, Spain; 3. Associação de Pesquisa e Preservação de Ecossistemas Aquáticos - AQUASIS, Caucaia, CE, Brazil; 4. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - INPA. Manaus, AM, Brazil.

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

The family Trichechidae (order Sirenia) comprises three species: African (*Trichechus senegalenses*), West Indian (*T. manatus*) [Florida (*T. m. latirostris*) and Antillean (*T. m. manatus*, ATM)], and Amazonian manatees (*T. inunguis*, AMM). Whereas ATM inhabits riverine and coastal systems in the western Atlantic, AMM is the only exclusively freshwater sirenian, endemic to the Amazon River Basin. Studying infectious agents is essential to species conservation, especially in threatened species. The current knowledge about viral agents in sirenians is scarce. Herpesviruses and adenovirus are DNA viruses able to infect and cause disease in a wide host range. We used pan-PCR protocols to survey herpesvirus and adenovirus in blood samples of wild ATM (n = 23) and AMM (n = 26) under human care, Brazil. Herpesvirus DNA was detected in one juvenile female ATM (1/23; 4.3% prevalence; 95% CI -4.7 – 13.3) from Ceará and in four AMM (two juvenile females, a juvenile male, and an adult female; 4/26; 15.4% prevalence; 95% CI 0.5 – 30.3), from the Amazon. We obtained two different gammaherpesvirus DNA polymerase sequence types (one in ATM and one in three AMM), highly similar (99% nucleotide identity) to Trichechid herpesvirus 1, reported in Florida manatees (USA), and 100% identical when translated into amino acids. A gammaherpesviral glycoprotein B sequence was identified in two AMM. No samples were positive to adenovirus. To our knowledge, this is the first herpesvirus detection in manatees from South America, and in ATM and AMM worldwide. Our findings suggest (i) that West Indian and Amazonian manatees are likely the natural hosts of the

detected herpesvirus, and (ii) herpesvirus ancestral adaptation based on the hypothetical Plio-Pleistocene origin and diversification of the genus *Trichechus*. Future studies are necessary to characterize this virus and potential pathological effects (if any) in these species.

Variación espacio-temporal de infección con el hongo quítrido en ranita de Darwin y anuros sintópicos

Natashja Haddow Brown1 | Hugo Sentenac2 | Soledad Delgado3 | Claudio Azat4 | Andrew A. Cunningham5 | Andrés Valenzuela-Sánchez3

1. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Facultad de Ciencias de la vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile; 2. Institute of Zoology, Zoological Society of London, London, UK; 3. Royal Veterinary College, University of London, London, UK; 4. Laboratoire Ecologie fonctionnelle et environnement, Université de Toulouse, CNRS, Toulouse INP, Université Toulouse 3 - Paul Sabatier (UPS), Toulouse, France; 5. Institute of Zoology, Zoological Society of London, London, UK.

Ponente: Natashja Haddow Brown, nhaddowbrown@gmail.com

La quitridiomicosis causada por *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) es una enfermedad infecciosa emergente con efectos catastróficos para algunas poblaciones de anfibios. La ranita de Darwin (*Rhinoderma darwinii*) es un anfibio en peligro de extinción que es altamente susceptible a este patógeno. Sin embargo, la dinámica de infección y los factores involucrados aún no se comprenden bien en este sistema. En este trabajo investigamos la variación espacio-temporal de la probabilidad de infección e intensidad de infección por Bd en *R. darwinii* y anfibios sintópicos del género *Eupsophus* en poblaciones silvestres de Chile. Entre los años 2018 y 2020 obtuvimos hisopados de piel correspondientes a 824 individuos de poblaciones en Contulmo (38o01'S 73o14'W) y Neltume (39°51'S 71°56'W). Estas muestras fueron analizadas mediante PCR en tiempo real para la detección y cuantificación de ADN de Bd. Covariables espaciales, temporales, fluctuación diaria microclimática (asociación entre temperatura, humedad relativa y fluctuaciones de ambas) e individuales (longitud hocico-cloaca y edad) se evaluaron mediante modelos logísticos binomiales y modelos binomiales negativos. Los modelos indicaron una fuerte respuesta de la probabilidad de infección a las covariables geográficas y microclimáticas. La probabilidad de infección con Bd fue menor en el área de Neltume que en Contulmo, y se asoció negativamente con la fluctuación diaria microclimática. Las infecciones mostraron una estructuración espacial a una escala muy fina, detectándose diferencias entre parcelas de estudio separadas por menos de 300 metros. Además, hubo una fuerte asociación entre la intensidad de la infección con la identidad de la especie, siendo casi 80 veces mayor en *R. darwinii* en comparación con Eupsophus spp. Los factores identificados en este estudio permiten profundizar nuestro conocimiento sobre la dinámica de la quitridiomicosis en poblaciones silvestres de anfibios, y podrían ser utilizados para informar el manejo de esta enfermedad en *R. darwinii*. Agradecimientos: FONDECYT postdoctorado 3180107, FONDECYT Regular 1211587.

Integrating MHC diversity and micro-macroparasite selective pressures across landscapes with differential human disturbance in the wild felid Guigna in Chile

Constanza Napolitano1 | Irene Sacristán2 | Francisca Acuña3 | Emilio Aguilar3 | Sebastián García3 | María José López-Jara3 | Javier Cabello4 | Ezequiel Hidalgo-Hermoso5 | Warren E. Johnson6 | Catherine Grueber7 | Elie Poulin8

1. Departamento de Ciencias Biológicas y Biodiversidad, Universidad de Los Lagos, Osorno, Chile; 2. PhD Program in Conservation Medicine, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; 3. FAVET, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 4. Centro de

Conservación de la Biodiversidad Chiloé Silvestre, Ancud, Chile; 5. Conservation and Research Department (CIBZ), Parque Zoológico Buin Zoo, Buin, Chile; 6. Smithsonian Institution, Suitland, Maryland, USA; 7. School of Life and Environmental Sciences, Faculty of Science, University of Sydney, Sydney, Australia; 8. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Constanza Napolitano, constanza.napolitano@ulagos.cl

Investigating functional genetic diversity at the major histocompatibility complex (MHC), responsible for vertebrate immune response, is key to understanding the evolutionary and adaptive potential of populations or species in the face of emerging infectious disease threats. Variation at MHC loci is partly maintained by balancing selection driven by pathogenic selective pressures, differentially spread across the landscape. We hypothesize that genetic diversity and signatures of selection differ between populations inhabiting human-dominated landscapes with higher pathogen pressures and those inhabiting more pristine habitats. We characterized for the first time the genetic diversity at MHC class I and II genes in 128 guignas (Leopardus guigna) from their whole distribution range in Chile (32-46 º S) and a few animals from a small strip of land in Argentina, sampled across landscapes with differential human disturbance and using Illumina next-generation sequencing. We found evidence of positive selection acting over MHC class I exon 3 and MHC class II-DRB exon 2. Significantly higher genetic diversity (MHC class I exon 3) was found in guignas from human-disturbed landscapes, associated with the presence of houses and with a higher number of houses, compared to continuous forest landscapes. We found significantly higher genetic diversity (MHC Class I exon 2) in animals both infested and harboring a higher intensity of infection with cardiorespiratory helminths, and in those with higher helminth species richness. We found no statistically significant associations among microparasites infection status (FeLV, FIV, hemoplasmas, Carnivore protoparvovirus-1) and MHC diversity. Our results suggest that pathogen selection forces are dominating over neutral genetic processes (drift) for guigna MHC diversity. Guigna populations inhabiting human-dominated landscapes with high (non-vaccinated) domestic cat and dog densities may have higher exposure to pathogens. The medium to high MHC genetic diversity described here is advantageous for the persistence of guigna populations.

Sobreviviendo a pesar de la reducida variación de MHC: patrones de selección y variación genética del amenazado huillín (*Lontra provocax*)

Mónica Mora1 | Eduardo Pizarro2 | Gonzalo Medina-Vogel3 | Juliana Vianna2

1. Campus Patagonia, Universidad Austral de Chile; 2. Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile; 3. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andrés Bello.

Ponente: Mónica Mora, monica.mora@uach.cl

El Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH) es un grupo de genes altamente polimórfico, que media la respuesta inmune en los vertebrados a través del reconocimiento y presentación del antígeno. La habilidad para enfrentar enfermedades infecciosas emergentes es en gran medida atribuible a la diversidad genética de los genes de CMH, dado su rol principal en la respuesta inmune adaptativa de los vertebrados. El huillín (*Lontra provocax*) es una nutria en peligro de extinción del sur de Chile, cuyas poblaciones están amenazadas debido al tráfico ilegal de pieles y a su desplazamiento producto del cambio de uso de suelo en el sur de Chile, facilitando el contacto con animales domésticos y la transmisión de enfermedades infecciosas. En este estudio se analizaron, por primera vez, loci de CMH desde poblaciones de *L. provocax*. Para esto, se estimó la variación y señales de selección para CMH clase I

exón 2 y 3, y CMH clase II DRB exón 2. Los resultados obtenidos fueron una baja diversidad genética para CMH, además de la presencia de señales de selección positiva histórica, aunque de forma no concluyente. El reciente cuello de botella que ocurrió en poblaciones de *L. provocax* debido a presiones antrópicas pudo haber desencadenado una marcada deriva génica que superó los efectos de una selección positiva en loci de CMH, disminuyendo la diversidad genética y eliminado las señales de selección. Estos resultados sugieren que *L. provocax* tiene una baja capacidad adaptativa y, por lo tanto, una gran susceptibilidad a la propagación de enfermedades desde animales domésticos e invasores. Por lo tanto, lo anterior debiese ser considerado como una señal de alerta, dada la susceptibilidad de la especie frente a las enfermedades infecciosas emergentes.

Estrategias de historia de vida y respuesta de hospederos a enfermedades infecciosas

Andrés Valenzuela-Sánchez1 | Claudio Azat2 | Soledad Delgado3 | Hugo Sentenac4 | Natashja Haddow4 | Andrew A. Cunningham4

1. ONG Ranita de Darwin y ICBTe Universidad Austral de Chile; 2. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andres Bello; 3. ONG Ranita de Darwin; 4. Institute of Zoology, Zoological Society of London.

Ponente: Andrés Valenzuela-Sánchez, andresvalenzuela.zoo@gmail.com

Presentamos una síntesis sobre la relevancia de la teoría de historias de vida en la ecología de las enfermedades infecciosas. Las estrategias de historia de vida de los hospederos modulan su respuesta a la infección, desde el sistema inmune, hasta los mecanismos de compensación demográfica, el potencial para la evolución de resistencia o tolerancia, y la eficiencia de la transmisión de parásitos en sistemas de múltiples hospederos. Por ejemplo, estrategias de vida lenta tienen una baja capacidad de compensar demográficamente mediante mecanismos de plasticidad fenotípica tales como un incremento en fecundidad. Luego presentamos un caso de estudio, donde exploramos potenciales mecanismos de compensación demográfica en respuesta a la infección con el hongo Batrachochytrium dendrobatidis (Bd) en la ranita de Darwin del Sur (*Rhinoderma darwinii*). Para esto utilizamos un estudio de captura-recaptura de siete años de duración en cuatro poblaciones con diferentes estados de infección (una población con alta prevalencia de infección con Bd, una con baja prevalencia, y dos poblaciones libres de Bd) ubicadas en el sur de Chile. Los resultados indicaron que la población con alta prevalencia tuvo el mayor esfuerzo reproductivo en machos y la mayor tasa de reclutamiento dentro de las cuatro poblaciones. Esto llevó al crecimiento de esta población durante el periodo de estudio a pesar de la alta tasa de mortalidad observada. En contraste, los machos de la población con baja prevalencia tuvieron un bajo esfuerzo reproductivo y esta población, la que tuvo la menor tasa de reclutamiento de adultos, declinó durante el periodo de estudio. Estos resultados resaltan la importancia que tiene la variación inter-poblacional de estrategias de historia de vida sobre el destino de poblaciones de hospederos luego de la emergencia de enfermedades infecciosas.

Seasonal immune profile of a long-distance migratory shorebird

Pablo Oyarzun Andrade1,2 | Claudio Henriquez3 | Juan G. Navedo4 | Josefina Gutiérrez1,2 | Consuelo Martorell1 | John Quiroga3 | Jonathan Vergara1,2 | Claudio Verdugo1

1. Ecology and Evolution of Infectious Diseases Lab, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 2. Programa de Doctorado en Ciencias Mención Ecología y Evolución, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 3. Instituto Farmacología y Morfofisiología, Facultad de Ciencias Veterinarias,

Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 4. Bird Ecology Lab, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Pablo Oyarzun Andrade, p.oyarzun.andrade@gmail.com

Migration consists of long seasonal journeys that entail a high demand for resources for migratory species. This can make distant sites interact through these travellers, transporting biomass, seeds and pathogens, which is why they have traditionally been judged as "superspreaders" of diseases. Throughout the annual cycle, physiological demands change according to the ecological context, and organisms must allocate limited resources to each system to maximize their fitness. Among them, the immune function is one of the most beneficial for the survival of the organism, but also one of the most expensive, either its activation or its maintenance. Therefore, determining the immunological profile will help us understand how these organisms distribute their physiological resources prior to migration and deal with possible infections. In this study, the immunological profile of the migratory shorebird Limosa haemastica is evaluated under natural conditions during its non-reproductive period divided into 3 stages (arrival, fattening, departure). Through 170 plasma samples, components of the immune system (Antibodies, Haptoglobin and BKA) were measured. Preliminary results of the BKA have shown that both arrival and fattening show similar levels of reduction in bacterial growth. This is consistent with studies conducted in other migratory shorebirds, where it is evident that high-quality stopovers rapidly and significantly increase the levels of components of the innate immune system. However, the most striking thing is the decrease in this bactericidal capacity in the phase prior to the flight back to its reproductive area. This can be explained by the reallocation of energy towards activities directly related to long-distance flight and the null encounter with pathogens while they are in this phase. Experiments are still needed to obtain a more complete immunological profile that sheds light on how these birds are immunologically prepared to fly nonstop from pole to pole. Fondecyt N° 1191769. ANID scholarships N° 21212004, 21201700, 21180753.

Detection of immunological markers in wildlife: a case study in *Phyllotis darwini* (Cricetidae) in Chile

Esperanza Beltrami1,2*, Claudio Henríquez3, Camilo Tomckowiack1, Claudio Verdugo4,5, Pablo Beldoménico6, Josefina Gutiérrez4,5, Javiera Delgado1, Gerardo Acosta-Jamett1,5*

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Instituto de Farmacología y Morfofisiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 5. Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 6. Laboratorio de Ecología de Enfermedades, Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral (ICiVet-Litoral), Universidad Nacional del Litoral (UNL) – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Santa Fe, Argentina.

Ponente: Esperanza Beltrami, beltramiwoelkar@gmail.com

Studying immune responses in wildlife species is challenging, due to a great lack of background knowledge about genetic and physiological aspects of wild species, and the need to adapt some laboratory techniques from their domestic counterparts. We studied immunological markers that represent defence mechanisms in a wild small mammal, *Phyllotis darwini*, captured in a semi-arid area of the Coquimbo region of Chile. We focused on detecting *GATA3, IFNG, TBX21* and *IL10*, as well as potential

internal control genes. We show technical steps and discuss the complexities for undertaking this research. From peripheral blood samples of live P. darwini, we extracted mRNA and RT-qPCR was performed to measure gene expression. This gene expression was standardized under a housekeeping gene to measure Ct. Specific primers were designed based on reference sequences of the genes and considering conserved segments from several species by a multiple alignment analysis. Gene expression was detected by real-time PCR and products sequenced. From a total of 40 blood samples of P. darwini, *GATA3* amplified in 27.5% of the samples, *TBX21* in 60% and the housekeeping, *YWHAZ* in 87.5% of the samples. We failed to detect *IFNG, IL10*, and the housekeeping *SDHA* in blood samples with any of the designed primers. Average Ct was higher for *GATA3* (6.8) than for *TBX21* (3.9), indicating a higher expression of the later which is associated to an inflammatory and Th1 immune response. This is the first study that reports immunological markers sequences from a South American wild mammal. The immunological markers identified here represent phenotypic subsets of lymphocytes with specific defence functions against infection. Future quantification of the expression levels of these genes will allow us to better understand how immune phenotypes are allocated under different parasite types and how responses vary across contrasting environmental scenarios. Fondecyt 1180119, 1211190, PhD grant 21171018, 21201700.

Longitudinal study on the prevalence of ESBL-producing Enterobacteriaceae in Kelp gulls from the central coast of Chile: preliminary results

Tania Suarez-Yana1 | Zulma Rojas1 | Marília Salgado-Caxito2 | Carmen Torres3 | Julio Benavides4

1. Program in Conservation Medicine, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile; 2. School of Veterinary Medicine, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile; 3. Área Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de La Rioja, Logroño, Spain; 4. Infectious diseases and vectors: ecology, genetics, evolution and control Group, French National Research Institute for Sustainable Development, Montpellier, France; Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile; Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile.

Ponente: Tania Suarez-Yana, taniasuarezy@gmail.com

Seabirds have been reported as carriers of antimicrobial-resistant bacteria like extended-spectrum Beta-lactamase-producing (ESBL) Enterobacteriaceae, found in a wide range of habitats including central Chile. However, the temporal dynamics of ESBL- Enterobacteriaceae carried by seabirds remains poorly understood. The Kelp gull (*Larus dominicanus*) is a synanthropic resident species from the Humboldt Current Ecosystem with seasonal reproduction, so it is an ideal sentinel species to track the temporal dynamics of ESBL-Enterobacteriaceae in this ecosystem. We performed a longitudinal study between 2020 and 2022, collecting 352 faecal samples of Kelp gulls along the coastline of Algarrobo, Chile. We report preliminary results on the prevalence of ESBL-Enterobacteriacae from three summer seasons (2020, 2021, 2022) and one winter season (2021). Faecal samples were screened for ESBL-Enterobacteriaceae using McConkey media supplemented with cefotaxime 2mg/L and incubated overnight at 37°C. Lactose-positive colonies compatible with Enterobacteriaceae were purified. We compared the prevalence of ESBL-Enterobacteriaceae isolates among the four sampling periods and between summer and winter using Chi-Square test. Our results showed that L. dominicanus had a high prevalence of ESBL-Enterobacteriaceae across years and seasons (summer: 58.2% in 2020, 50% in 2021 and 44.3% in 2022, winter: 67% in 2021). Although most prevalence rates were high, there was a statistically significant result among all sampling periods ($p<0.01$). However, there was no statistical difference in the

prevalence between summer and winter (p>0.05). These preliminary results suggest that L. dominicanus can sustain the carriage of ESBL-Enterobacteriaceae over time, with a high prevalence independently of the season. Thus, this study suggests that ESBL-Enterobacteriaceae circulates among seabirds with synanthropic behaviour but changes in human contact (higher in summer and likely lower during the COVID lockdown) did not significantly affect its circulation. These findings call for a better understanding of the origin and drivers of antimicrobial resistance circulation among wild birds.

Haemosporidian-mediated selection in TLR genes across the range of a Neotropical passerine species

Elfego Cuevas1 | Lydia Smith2 | Jaime Alarcón3 | Gregory Gladkov2 | Daly K. Noll5 | Esteban Botero-Delgadillo5 | Eduardo Castro-Nallar3 | Rodrigo A. Vasquez6 | Rauri C. Bowie2 | Verónica Quirici7 | Juliana A. Vianna8

1. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Viña del Mar, Chile y Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; 2. Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley, CA, USA; 3. Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; 4. Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile, Santiago, Chile y Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, FONDAP Center for Genome Regulation, Millennium Institute for Integrative Biology, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; 5. Department of Behavioural Ecology and Evolutionary Genetics, Max Plank Institute for Ornithology, Seewiesen, Germany y SELVA: Research for Conservation in the Neotropics, Bogotá, Colombia; 6. Instituto de Ecología y Biodiversidad, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 7. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andres Bello, Santiago, Chile; 8. Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, FONDAP Center for Genome Regulation, Millennium Institute for Integrative Biology, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Elfego Cuevas, elfcuevas@gmail.com

Organisms are constantly challenged by different selective pressures and parasites are key forces under natural conditions. Immune genes are expected to be under pathogen-mediated selection (i.e., balancing, or diversifying selection). We explored the genetic variation of four TLR genes (TLR2A, TLR2B, TLR3, and TLR4) for evidence of pathogen-mediated selection in the evolution of these genes over a large geographical scale (~3,000 km), belonging to the latitudinal distribution of a Neotropical passerine, the Thorn-tailed Rayadito. By using an integrative approach including next-generation sequencing and combining neutrality tests, codon selection models, and statistical associations with the haemosporidian *Leucocytozoon* spp. infection. We provided evidence of diversifying and purifying selection acting on the TLRs under study. Furthermore, we observed that the most-frequent alleles (between one to three) in the four TLR genes confer susceptibility to *Leucocytozoon* spp infection. This study provides insights for the mechanisms underlying the host-parasite co-evolutionary interactions between TLRs and *Leucocytozoon* spp. infection, which suggests pathogen-mediated selection in a Red Queen scenario. In the arms race, Leucocytozoon spp. parasites have been adapted to the most frequent alleles and Rayadito TLRs are subject to diversifying selection.

V CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

PRESENTE Y FUTURO

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

Interacciones entre perros y zorros en la zona central de Chile: medidas de gestión local tendientes a reducir el riesgo epidemiológico

Camila Dünner1

1. Programa de Doctorado en Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.

Ponente: Camila Dünner, cfdunner@gmail.com

El perro doméstico puede actuar como reservorio de patógenos devastadores para los carnívoros nativos, por lo que este estudio caracterizó interacciones de riesgo espacio-temporales entre el perro doméstico y el zorro culpeo (*Lycalopex culpaeus*), en las regiones Metropolitana y de Valparaíso. Se instalaron 72 cámaras trampa de manera aleatoria estratificada, respetando un modelo demográfico cerrado, en función de una gradiente de perturbación antrópica. Paralelamente, se aplicó una encuesta para evaluar medidas de gestión en cada sitio. Los registros fotográficos fueron analizados con el paquete carmtrapR, luego se ajustaron modelos lineales generalizados mixtos con el paquete lmer en R3.5.1, seleccionándolos en función del AICc. Dieciocho cámaras registraron 97 interacciones indirectas entre perro y zorro, asociadas de manera positiva al grado de perturbación antrópica, protección legal del sitio y densidad de perros, así como de manera negativa a la distancia a zonas de alta perturbación. El intervalo entre las interacciones osciló entre 1,14 horas y 10,68 días, con un coeficiente de solapamiento bajo (dhat = 0,33). La duración de los intervalos, que permitiría la transmisión de múltiples patógenos, se relacionó negativamente al grado de perturbación, protección del sitio y uso de atractor olfativo. Por otra parte, la tasa de detección y densidad de perros tuvo relación positiva con la cercanía a zonas perturbadas y con medidas de acceso permisivas en sitios protegidos. Al contrario, sitios no protegidos con fines productivos, revelaron medidas tendientes a una alta protección de la propiedad privada, que incluyeron el control poblacional de perros. Comprender la dinámica de las interacciones doméstico-silvestre en paisajes dominados por el humano es vital para replantear las estrategias actuales de conservación a nivel local, adecuando la planificación urbana, evaluando los impactos reales de las áreas silvestres protegidas en la preservación de especies y aplicando políticas estrictas para el control de especies exóticas invasoras.

¿Son las colonias urbanas fuentes o sumideros ecológicos? Compensaciones de la anidación urbana en un ave zancuda

Sonia M Hernandez1 | Julia Silva Seixas2

1. Warnell School of Forestry and Natural Resources and the Southeastern Cooperative Wildlife Disease Study at the College of Veterinary Medicine; University of Georgia; 2. Estudiante de doctorado; Warnell School of Forestry and Natural Resources and the Southeastern Cooperative Wildlife Disease Study at the College of Veterinary Medicine; University of Georgia.

Ponente: Sonia M Hernandez, shernz@uga.edu

La reproducción en entornos urbanos es clave para que las especies se adapten con éxito a los paisajes antropogénicos. Especies como el reyezuelo doméstico (*Troglodytes aedon*) y el cuervo norteño (*Corvus corax*) son criadores urbanos con gran éxito. Sin embargo, anidar en las ciudades puede ser perjudicial al imponer nuevos estresores y depredadores, o mayor exposición a patógenos. Las poblaciones urbanizadas también crean conflictos entre fauna-humanos, como lo ejemplifica el ibis blanco australiano (*Threskiornis molucca*) urbano. La supervivencia y el éxito reproductivo son los dos factores clave determinando el potencial que la urbanización produzca impactos a nivel de población. Como colonizador urbano, el ibis blanco (*Eudocimus albus*) proporciona el modelo ideal para monitorear la progresión de un criador urbano nuevo. Investigamos la productividad, el

crecimiento de los polluelos y la dinámica de *Salmonella* en colonias urbanas y naturales de ibis en el sur de Florida (2020-2021), donde los nidos (N=~60/sitio) se monitorearon semanalmente hasta que emplumaron. Se recolectaron muestras fecales semanalmente de 77 polluelos urbanos (2020-2021) y 39 naturales (2021). La colonia urbana tuvo un alto éxito de anidación, sin embargo, la prevalencia de Salmonella de los polluelos urbanos fue mucho mayor (52%, N=209 muestras) que polluelos naturales (13%, N=60 muestras). En 2020, hubo un evento de mortalidad y 3/4 pollos se diagnosticaron con el virus del Nilo Occidental (WNV). Los sueros de 4/36 (11 %) de pollos urbanos en 2020 tenían anticuerpos anti-WNV, disminuyendo con el tiempo, lo que indica transferencia materna. Nuestros resultados sugieren que los ambientes urbanos son hábitats adecuados para la reproducción de ibis pero con impactos importantes a la salud de los polluelos. Este estudio también destaca las compensaciones potenciales para otras especies de anidación urbana de interés para la conservación.

Alta mortalidad en la rana chilena (*Calyptocephalella gayi*) asociado a un brote de quitridiomicosis en un programa de cría en cautiverio: patología y caracterización genómica

Claudio Azat1

1. Universidad Andres Bello.

Ponente: Claudio Azat, claudio.azat@unab.cl

Las enfermedades infecciosas emergentes en vida silvestre se asocian cada vez más con mortalidad y declinaciones poblacionales. A pesar de los avances en el diagnóstico y manejo de algunas de estas enfermedades, a menudo la determinación del origen de un brote sigue siendo difícil de establecer. Nuevas herramientas moleculares han abierto la posibilidad de realizar una caracterización genética detallada de los agentes infecciosos que pueden ser aislados desde distintos brotes. La quitridiomicosis de los anfibios, causada por el hongo *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd), se ha asociado con declinaciones poblacionales catastróficas y extinciones de anfibios a escala global. Utilizando histología y secuenciación del genoma completo, describimos las lesiones causadas por Bd, así como la variabilidad genética de dos aislados de Bd obtenidos de un evento de mortalidad masiva en una población en cautiverio de la rana chilena (*Calyptocephalella gayi*) en la Región Metropolitana. Esta es la primera vez que se detecta una asociación entre Bd y una alta mortalidad en *C. gayi*. Los análisis patológicos revelaron que 30 ranas metamorfoseadas muertas presentaban agnatia o braquignatia, una condición nunca antes reportada en asociación con Bd. Los análisis filogenómicos revelaron que los aislados de Bd obtenidos de *C. gayi* en cautiverio, junto con otros tres aislados de Bd obtenidos de anfibios silvestres en Chile, forman un solo clado de Bd chileno altamente soportado dentro del linaje panzoótico global de Bd (BdGPL). Esta investigación entrega nuevos antecedentes sobre el impacto de Bd en *C. gayi*, una especie carismática y amenazada de extinción. Además, estos hallazgos son importantes para informar sobre el fortalecimiento de medidas de bioseguridad para prevenir los impactos de la quitridiomicosis en programas de cría en cautiverio.
Agradecimientos: Fondecyt Regular 1211587.

Redefiniendo el estudio de la fragmentación del paisaje en la ecología de enfermedades infecciosas

Brenda Aline Maya Badillo1 | Víctor Arroyo Rodríguez2 | Guillermo Orta Pineda1 | Andrea Chaves Ramírez3 | José Iván Sánchez Betancourt4 | Gerardo Suzán Azpiri1

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, FMVZ-UNAM; 2. Instituto de Investigaciones en Ecosistemas y Sustentabilidad, UNAM; 3. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 4. Laboratorio de Investigación del Departamento de

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

Medicina y Zootecnia de Cerdos, FMVZ, UNAM.

Ponente: Brenda Aline Maya Badillo1

A nivel global, la ecología de enfermedades ha demostrado que la pérdida del hábitat provoca efectos negativos sobre la biodiversidad y aumenta la prevalencia de enfermedades. Por otro lado, el efecto de la fragmentación del paisaje es controversial y tema de debate en ecología del paisaje. Nuestro objetivo fue realizar una revisión sistemática global sobre el enfoque metodológico y filosófico que se ha utilizado para relacionar la fragmentación del paisaje y sus efectos sobre las enfermedades infecciosas. Se realizó una búsqueda sistemática de artículos científicos en la Web of Science entre 1990-2021 y se revisaron las variables relacionadas con fragmentación del paisaje y enfermedades de cada estudio. De 7121 artículos científicos, 98 cumplieron con los criterios de inclusión donde se estudiaba a la fragmentación del paisaje bajo todos los enfoques y solo 53 fueron elegibles para su análisis. Los estudios corresponden a 29 países, principalmente EUA con 22.64% de los estudios. Los roedores y primates fueron los hospederos más estudiados a nivel de población. De las 31 enfermedades descritas el 88.67% son zoonóticas y las helmintiasis fueron las más estudiadas. Las bacterias y los virus se estudiaron con mayor frecuencia. El efecto de la fragmentación del paisaje aumentó la prevalencia de las enfermedades en un 79.24%. En la mayoría de los artículos, los investigadores utilizan métricas a escala de fragmento y no de paisaje. Esto los lleva a estudiar la fragmentación del paisaje como un proceso ligado a la pérdida del hábitat y no como un patrón del paisaje. Nuestros resultados revelan que el estudio de la fragmentación del paisaje se ha confundido con el proceso de pérdida de hábitat y que la mayoría de los artículos carecen de un abordaje multi-escala que permita entender el efecto real de la fragmentación per se sobre la prevalencia de las enfermedades infecciosas.

Protocolo de liberación de anfibios en Colombia aplicado a *Oophaga lehmanni*: Componente Salud

Juliana Peña1 | Diana Buitrago1 | Luz Dary Acevedo Cendales2

1. Fundación Zoológica de Cali; 2. Wildlife Conservation Society.

Ponente: Juliana Peña, juliana.pena@fzc.com.co

La rana venenosa de Lehmann (*Oophaga lehmanni*), es un anfibio endémico del Pacífico Colombiano, en peligro crítico de amenaza con distribución restringida y en creciente declinación debido al tráfico ilegal internacional. En 2018 se conformó una alianza estratégica entre diferentes organizaciones y entidades gubernamentales, con el fin de implementar el plan de acción para su conservación. En 2019, La Fundación zoológica de Cali recibió 68 individuos provenientes de un decomiso en el aeropuerto El Dorado con destino al mercado ilegal de mascotas en Alemania. Después de estabilizar esta población se logró la reproducción y se estableció el programa de cría ex situ como estrategia para su conservación, con 43 individuos. En 2022 se preparó la primera liberación de 22 individuos postmetamorfos de la especie en una zona acordada por los profesionales de la Alianza y la comunidad local. La Fundación zoológica de Cali (FZC) y Wildlife conservation Society (WCS) definieron un protocolo sanitario definido en fases: reproducción, pre-liberación y el seguimiento post-liberación. Este instrumento contiene los antecedentes generales y médicos de los individuos, consideraciones de manejo, nutricionales y médicos, consideraciones de bioseguridad y procedimientos de medicina preventiva, condiciones ambientales y sanitarias requeridas en los individuos y en la zona de liberación. Es necesario tener unas buenas prácticas de manejo para asegurar que los animales que hacen parte de cualquier programa de conservación ex situ, puedan llegar al sitio de liberación en condiciones óptimas de salud y cumplan con el fin de aportar en el repoblamiento de la especie en estado silvestre. El apoyo de la comunidad ha sido determinante para el éxito de esta iniciativa, que realiza actualmente el monitoreo post-liberación y vigila la reducción de las amenazas a la

población y su hábitat.

Implementación del Enfoque One Health para el monitoreo y prevención de enfermedades en la Selva Maya

Luis Fernando Guerra1 | Melvin Mérida1

1. Wildlife Conservation Society.

Ponente: Luis Fernando Guerra, lguerra@wcs.org

La Selva Maya cuenta con las condiciones climáticas y ambientales que propician ambientes ideales para que prosperen agentes infecciosos e interactúen con posibles hospederos y vectores competentes. Hoy en día, no se cuenta con información pertinente de los posibles efectos de la degradación ambiental en la emergencia de enfermedades. El objetivo general del proyecto es fortalecer la base para la gestión del riesgo, prevención y monitoreo de enfermedades a través de un plan para la implementación del enfoque Una Salud en la Selva Maya. Las líneas temáticas son: 1) Desarrollo de capacidades para el monitoreo epidemiológico, prevención y alerta temprana, 2) Reducción de riesgos y mejores prácticas, 3) Intercambio de experiencias. La primera línea temática se enfocará en crear espacios para brindar capacitación a las comunidades y guardarecursos bajo el marco del enfoque de One Health, brindando soporte técnico y científico que ayude a generar un plan de trabajo para sostenibilidad del proyecto. La segunda línea, abordará la reducción de riesgos y mejora de prácticas agropecuarias y domésticas para prevenir enfermedades con el apoyo y la participación de actores locales. Por último, la tercera línea apoyará el intercambio de experiencias entre actores clave de instituciones de Gobierno, sociedad civil, universidades y líderes comunitarios a nivel de Selva Maya, con el fin de replicar y dar continuidad a las actividades realizadas, fortaleciendo la estrategia del enfoque One Health en la Selva Maya. El área de influencia del proyecto abarca las comunidades de Carmelita, Paso Caballos y Uaxactún. A nivel institucional, el Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP), el Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación (MAGA) también serán beneficiados en términos de fortalecimiento de capacidades y donación de equipo. Este proyecto está en desarrollo actualmente.

Aves silvestres portando *Escherichia coli* resistentes a florfenicol en una isla cercana a salmoniculturas, Chiloé

Danny Fuentes-Castillo1 | Daniela Castro-Tardón2 | Ingrith Neves3 | Larissa Rodrigues3 | Bruna Fuga4 | Nilton Lincopan4

1. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán; 2. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás, Talca; 3. Department of Clinical Analysis, Faculty of Pharmaceutical Sciences, University of São Paulo, São Paulo; 4. Department of Clinical Analysis, Faculty of Pharmaceutical Sciences, University of São Paulo, São Paulo - Department of Microbiology, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo.

Ponente: Danny Fuentes-Castillo, dannyfuentes@udec.cl

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es actualmente un desafío global en la salud humana y veterinaria. Entre las causas de este problema se incluye el extenso uso de antimicrobianos en los sectores productivos animales. En este sentido, florfenicol es el antimicrobiano más utilizado en la industria salmonera chilena y su impacto en la selección de cepas resistentes podría trascender al medioambiente. Para evaluar si aves silvestres poseen Enterobacterales resistentes a florfenicol en

la Isla Acuy, Chiloé, se recolectaron del ambiente 101 muestras fecales frescas de aves migratorias y no migratorias. Las muestras fueron inoculadas en placas de agar MacConkey suplementadas con florfenicol (8 ug/mL) y los cultivos positivos fueron identificados mediante el sistema MALDI-TOF MS (Bruker Daltonik). Las pruebas de susceptibilidad a los antimicrobianos se realizaron mediante el método de difusión en disco utilizando antimicrobianos de uso humano y veterinario. Se realizó PCR para el gen *floR*, y un aislado multirresistente se preparó para análisis de secuenciamiento genómico completo usando la plataforma MiSeq (Illumina). Once aves silvestres, incluidas *Leucophaeus pipixcan*, *Chroicocephalus maculipennis*, *Larus dominicanus, Phalacrocorax brasilianus* y *Milvago chimango* fueron portadoras de E. coli productoras del gen *floR*, que codifica resistencia al florfenicol. Un aislado multirresistente perteneció al secuenciotipo ST117 de E. coli, y cargaba genes que confieren resistencia a anfenicoles (*floR, cfr*), fluoroquinolonas (*qnrB19*), sulfadiazinas (*sul2*) y trimetoprim (*dfrA8*). En Chile, el linaje *E. coli* ST117 ha sido detectado causando infecciones humanas de tracto urinario. Si bien florfenicol es de uso exclusivo veterinario, el gen *floR* causa además resistencia a cloranfenicol, antimicrobiano de uso humano. En conclusión, aves silvestres pueden actuar como bioindicadores y reservorios de bacterias resistentes a antimicrobianos utilizados en la acuicultura. Además, aves migratorias pueden tener un rol en la diseminación de la RAM en la vida silvestre y sus entornos asociados.

Asociación entre la antropización y la riqueza y la abundancia de roedores reservorios de patógenos zoonóticos en el Noroeste de México

Hugo Mendoza1 | Andrés M. López-Pérez2 | André V. Rubio3 | Paulina Pontifes4 | Julio Barrón4 | Marisa Mazari-Hiriart5 | Rodolfo Dirzo6 | Gerardo Suzán4

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud - Laboratorio Nacional de Ciencias de la Sostenibilidad, UNAM, Ciudad de México, México; 2. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis, CA, USA; 3. Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 4. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, UNAM, Ciudad de México, México; 5. Laboratorio Nacional de Ciencias de la Sostenibilidad, UNAM, Ciudad de México, México; 6. Department of Biology and Woods, Institute for the Environment, Stanford University, Stanford, CA, USA.

Ponente: Hugo Mendoza, hugomegu@gmail.com

El mundo enfrenta un estado de cambios ecológicos y sociales que pueden favorecer el riesgo de brotes zoonóticos. Se ha propuesto que la antropización (i.e., cambios en el medio ambiente producidos por actividades humanas), es uno de los fenómenos socio-ecológicos principales que promueven la emergencia de zoonosis al modificar la estructura comunitaria de hospederos y favorecer el incremento de reservorios de patógenos. En este estudio, evaluamos si la antropización ejerce un efecto sobre las especies de roedores reservorios al incrementar o disminuir su abundancia y/o riqueza. Primero, desarrollamos un índice a escala de paisaje para evaluar el nivel de antropización en sitios de zonas áridas del Noroeste de México, a partir de 16 variables socio-ecológicas cuantitativas clasificadas en cinco grupos: tipo de vegetación, grado de urbanización, calidad del agua, fuentes potenciales de contaminación, y otras. Posteriormente, realizamos un muestreo de roedores e identificamos a las especies previamente reportadas como reservorios de patógenos zoonóticos de transmisión directa. Finalmente, evaluamos la asociación entre reservorios y antropización utilizando Modelos Lineales Generalizados. Capturamos un total de 683 roedores correspondientes a 27 especies de 14 géneros, de las cuales nueve especies han sido identificadas como reservorios de patógenos zoonóticos (359 individuos). Los resultados muestran una asociación positiva y significativa entre la antropización y la abundancia de reservorios zoonóticos, mientras que no existe una asociación significativa entre la antropización y la riqueza de reservorios. La abundancia y la riqueza de roedores no reservorios se asociaron negativa y

significativamente con la antropización. Estos hallazgos coinciden con otros estudios que indican que las especies reservorios de patógenos zoonóticos tienden a aumentar sus abundancias en ambientes perturbados, lo cual puede incrementar el riesgo de exposición de patógenos al ser humano. Se discuten las implicaciones de nuestros resultados, además de los usos potenciales del índice de antropización en otras disciplinas.

Estudios de salud en vicuñas (*Vicugna vicugna*) y su contribución en la conservación de las poblaciones en el ANMIN Apolobamba, Bolivia

Jose Luis Mollericona1 | Fabián Beltrán1 | Humber Alberto1 | Cinthia Coronel2 | Liz Romero3 | Oscar Loayza1 | Robert Wallace1

1. Wildlife Conservation Society; 2. Wildlife Conservation Society Universidad Pública de El Alto; 3. Universidad Mayor de San Adrés.

Ponente: Jose Luis Mollericona, jmollericona@wcs.org

En Bolivia, la vicuña (*Vicugna vicugna*) es un valioso recurso de manejo y aprovechamiento para las comunidades locales, a través del Programa Nacional de Conservación de la Vicuña. La fibra de esta especie es aprovechada por su alta calidad, y beneficia a más de 5.500 familias de 113 comunidades y 33 municipios. En 2018, 2019 y 2021, durante la captura y esquila, se colectaron muestras biológicas (heces, raspados de piel, sangre, frotis sanguíneo e hisopados orales) de 842 individuos, evaluando la salud de las poblaciones de vicuña con énfasis en la sarna. Así, se diagnosticaron 19 tipos de parásitos, entre los que destacan *Eimeria punoensis* 80,7%, *E. alpacae* 50,2%, E. lamae 20,6%, *E. macusaniensis* 3,9%, *Trichuris* sp. 49,7%, *Nematodirus cf. spathiger* 34,4%, *N. cf. battus* 29,2%, Orden Strongylida 42,6. Respecto a la sarna (*Sarcoptes scabiei*), se registró una prevalencia promedio anual del 10% y, a través de Modelos Lineales Generalizados, se identificó que, las vicuñas de menor edad y las vicuñas machos son más propensas a adquirirla. Asimismo, se estableció que los parámetros hematológicos, se encuentran dentro los valores normales, aunque también se encontraron otras alteraciones, como valores altos de hematocrito asociadas a posible deshidratación, y valores bajos relacionados a algún grado de anemia. También se registraron casos de neutrofilía y linfocitosis, relacionados al cambio de comportamiento (estrés). Mediante el estudio de genotoxicidad con muestras del 2021, se constató que existe cierto daño a nivel celular, particularmente en poblaciones de vicuña en zonas donde la presencia de minería es alta. Con esta información se han identificado parámetros de evaluación que permitirán elaborar planes de manejo y monitoreo de la salud en vicuñas, así medidas sanitarias en el aprovechamiento de la fibra de vicuñas, elementos clave para mejorar el manejo sostenible de la especie, y la conservación de su hábitat.

Variación de la composición del ensamblaje de helmintos en primates del género *Alouatta* spp.

Norma Lorena González Arvizu1 | Andrea Chaves2 | Luis García-Prieto3 | Oscar Rico-Chávez4

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 3. Laboratorio de Helmintología, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México; 4. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

Ponente: Norma Lorena González Arvizu, lorettamine@gmail.com

Entender la variación espacial en la composición de parásitos, y los factores

RESUMEN - PONENCIAS ORALES

que determinan su asociación, es útil para la ecología de parásitos. Los primates neotropicales del género *Alouatta* representan un buen modelo para estudiar la variación espacial en sus ensamblajes de helmintos debido a su amplia distribución y la diversidad de hábitats en los que se encuentran. Usando las bases de Global Mammal Parasite Database y London Natural History Museum's helminth parasite database, además de una revisión actual de helmintos gastrointestinales en primates del género *Alouatta* a lo largo de su distribución en Latinoamérica, investigamos los patrones de variación en la composición de helmintos gastrointestinales entre especies del género *Alouatta*, a través de un análisis de descomposición de la diversidad beta, y el efecto de las características de los hospederos, su relación filogenética y la distancia geográfica, en el recambio de la composición de especies de helmintos, usando un modelo de disimilitud generalizada (GDM). Se observó un alto grado de disimilitud (0.84) de helmintos entre las 8 especies evaluadas, explicado principalmente por el componente de recambio (0.66). El modelo de disimilitud sugiere que la distancia geográfica explica el 45% de la varianza en el recambio de helmintos dentro de las especies del género *Alouatta* ($p < 0.01$). El efecto de la distancia geográfica es posiblemente explicado por las respuestas de las especies a condiciones bióticas y abióticas que influyen en la habilidad de los organismos para encontrar ambientes adecuados para su dispersión. Nuestro trabajo presenta una nueva contribución al estudio de la ecología parasitaria en primates neotropicales, respaldando la importancia de factores que podrían estar influyendo en la dispersión de sus helmintos asociados.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Factores asociados a la presencia de la Cucaracha americana (*Periplaneta americana*) y sus parásitos helmintos, en casas del área rural de Guatemala

Wendy Hernández-Mazariegos1 | Manuel Rodríguez2 | David Morán3 | Federico Villatoro4

1. Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello; 2. Unidad de Parasitología, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de San Carlos de Guatemala; 3. Centro de Estudios en Salud, Universidad del Valle de Guatemala; 4. Instituto de Investigación en Ciencia Animal y Ecosalud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de San Carlos de Guatemala.

Ponente: Wendy Hernández, wendychm7@hotmail.com

La cucaracha americana (Periplaneta americana) se encuentra distribuida en todo el mundo. Habita diferentes lugares desde bosques, estepas, desiertos, hasta viviendas. Esto le permite proximidad de contacto con diversidad de especies animales y el humano, y el intercambio de gran variedad de microorganismos incluidos los parásitos helmintos. El objetivo de este estudio es evaluar factores que se asocian a la presencia de la cucaracha americana y sus parásitos helmintos, en casas del área rural de Guatemala. Se hizo captura manual y con trampas en 70 casas, de la cuales en 38 se capturaron 257 cucarachas. Se identificaron 83 (32%) cucarachas parasitadas con al menos una de las seis especies de helmintos observados. Se identificaron cinco especies de nematodos: *Hammerschmidtiella* spp. en el 26% (66/257) de las cucarachas, *Leidynema appendiculatum* en el 3% (8/257), *Thelastoma* spp. en el 2.7% (7/257), *Protrellus* spp. en el 0.8% (2/257), y *Trichuris* spp. en el 0.4% (1/257); y una especie de acantocéfalo: *Moniliformis moniliformis* en el 0.8% (2/257) de los individuos. Se determinó por análisis de Modelos de efectos mixtos que los factores que explica mejor la cantidad de cucarachas son la pared de nylon, el techo de terraza, la presencia perros, y el método para el control de los insectos. No se encontró diferencia de cucarachas parasitadas por sexo y edad, y tampoco factores que expliquen la presencia de estos parásitos. Sin embargo, la mayor cantidad de cucarachas parasitadas fueron capturadas en alcantarillas, cocinas y patios de las casas. Para Guatemala este es el primer estudio que muestra la importancia de los factores relacionados a la presencia de cucarachas y sus helmintos. Factores que van desde materiales de construcción hasta prácticas sanitarias; desde helmintos comunes en cucarachas, hasta parásitos de importancia para la salud animal y humana (e.g., *Moniliformis*).

Intestinal Parasitic Survey on Free-living and Captive Brazilian Sirenians

Thalita Faita1 | Horwald A. B. Llano1 | Daniella C. R. Oliveira1 | Gláucia P. Sousa2 | Lilian R. A. Ferreira3 | Aline R. Souza4 | Stella M. Lazzarini4 | Fábia O. Luna2 | Fernanda L. N. Attademo5 | Iran C. Normande6 | Jairo M. Oliveira7 | Ianny R. G. Posiadlo7 | Lara Borges Keid1 | Rodrigo Martins Soares1

1. Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal (VPS), Universidade de São Paulo (USP), Brasil; 2. Instituto Chico Mendes para Conservação da Biodiversidade (ICMBio), Centro Nacional de Pesquisa e Conservação de Mamíferos Aquáticos (CMA), Brasil; 3. Instituto Transire, Brasil; 4. Centro de Preservação e Pesquisa de Mamíferos Aquáticos (CPPMA), Eletrobrás Amazonas Energia G&T, Brasil; 5. Projeto Cetáceos da Costa Branca (PCCB), Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UERN), Brasil; 6. ICMBIO, Núcleo de Gestão Integrada ICMBio Costa dos Corais (ICMBio/NGICC), Brasil; 7. Zoológico das Faculdades Integradas do Tapajós (ZOOFIT), Universidade da Amazônia (UNAMA), Brasil.

Ponente: Thalita Faita, thalitafaita@hotmail.com

Trichechus manatus and *Trichechus inunguis* are species of sirenians classified as Vulnerable to extinction by the IUCN Red List and included in the National Action Plan for the Conservation of Sirenians in Brazil, which involves the rehabilitation and

reintroduction of specimens into the wild. Due to the lack of sanitary information regarding these species and the relevance of diseases caused by protozoan parasites in aquatic mammals, the aim of this study is to survey parasites from fecal samples of Brazilian sirenians. One fresh fecal sample was collected in 2016 from seven free-living *T. manatus* from the APA Costa dos Corais, Alagoas State, Brazil, and from eight captive *T. inunguis* from the ZOOFIT, Pará State, Brazil. Also, multiples fresh fecal samples from thirty-six captive *T. inunguis* were collected between 2017 and 2018, from the CPPMA, Amazonas State, Brazil. The samples were stored at 4°C in 2.5% potassium dichromate solution. Direct examination was performed after centrifugal sedimentation technique and centrifugal flotation method. In one fecal sample of T. manatus were observed Eimeria sp. oocysts (14,28%) and in another one, trematode's eggs (subclass Digenea). In three fecal samples of T. inunguis from the ZOOFIT were identified *Eimeria* sp. oocysts (37,5%), in another three stool samples were observed trematode's eggs (subclass Digenea). *Eimeria* sp. oocysts were observed in all animals (100%) and in ninety-seven samples (92,4%) from the CPPMA. Preliminary results demonstrated on this study highlight the necessity of evaluating the impact of *Eimeria* sp. infection on health status of these animals, since this protozoon is commonly associated with immunosuppression and diarrhea episodes. This study will be further enriched by molecular characterization of the species of *Eimeria* involved in the infections. Data collection of this nature is relevant to guide management actions and to evaluate possible risks of reintroducing captive animals into the wild.

Análisis epidemiológico de *Toxoplasma gondii* en mamíferos silvestres en el Bioparque Amaru del cantón Cuenca – Ecuador

Estefania Carolina Calle Cueva1 | Juan Carlos Ramónez Cárdenas1

1. Universidad de Cuenca-Ecuador, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia.

Ponente: Estefania Carolina Calle Cueva, tpcalle@gmail.com

Toxoplasma gondii es un protozoo que infecta un gran número de animales de sangre caliente, causante de la Toxoplasmosis, una zoonosis de distribución mundial que no solo afecta a la salud pública, sino que pone en riesgo la conservación de especies en peligro de extinción. El presente estudio analizó la seropositividad de T. gondii en sueros sanguíneos de 58 mamíferos del Bioparque Amaru de la ciudad de Cuenca-Ecuador, en una muestra estratificada de tres órdenes: Carnivora, Artiodáctila y Primate. Para ello se utilizó el kit de ELISA Toxoplasmosis Indirect Multi-species, que utiliza el antígeno p30 y el conjugado anti-multi-especie IgG-HRP. Se obtuvo una seropositividad de 72,41% en el orden Carnívora, 64,71% en Primates y 75,00% en Artiodáctilos. El estudio se realizó de forma triplicada. También se determinó un mayor riesgo de infección en los carnívoros – quizás debido a su tipo de alimentación–, lo que puede estar relacionado con la existencia de quistes tisulares con bradizoitos en la carne; aunque los herbívoros y frugívoros también pueden infectarse por la contaminación del suelo con los ooquistes esporulados de T. gondii excretados por el hospedero definitivo, que pueden sobrevivir largos períodos en el suelo, en el agua e inclusive en las frutas y verduras. Otro factor asociado es el tiempo de permanencia en el Bioparque; en los animales cuya estadía es de dos años o más, la probabilidad de seropositividad aumenta 2,074 veces. Contrario a un estudio previo realizado en tigrillos (*Leopardus pardalis*) en Costa, Sierra y Oriente ecuatorianos, en este estudio no se encontró diferencia en la seroprevalencia por procedencia. En conclusión, la alta seropositividad encontrada en el estudio confirma la necesidad de implementar programas de vigilancia epidemiológica, así como un control de las medidas de bioseguridad en los parques zoológicos para resguardar la salud pública, ambiental y animal.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Extra costs for a very expensive travel: Behavioral changes associated with an immunological challenge in a long-distance migratory bird

Pablo Oyarzun Andrade 1,2 | Tamara Tadich3 | Juan G. Navedo4 | Josefina Gutiérrez1,2 | Consuelo Martorell1 | Jonathan Vergara1,2 | Claudio Verdugo1

1.- Ecology and Evolution of Infectious Diseases Lab, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 2.- Programa de Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 3.-Instituto de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4.- Bird Ecology Lab, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Pablo Oyarzun Andrade, p.oyarzun.andrade@gmail.com

Migratory birds have largely been claimed as responsible of the spread of highly virulent pathogens. However, this claim rest under a poorly supported assumption: infected hosts remain asymptomatic and migrate long distances unhampered. Migration is one of the most physiological and energetically demanding activities in the animal world, so migrants must perfectly balance any further costs, such as a pathogen infection and the immune response, to fulfill such endeavor. Through an experimental approach, we evaluated the behavioral changes associated with the exposure to a novel viral antigen, a likely scenario to happen during migration, in a trans-hemispheric migratory shorebird. We evaluated nine characteristics of sickness behavior in five categories: movement (locomotor activity), resting, nutritional (foraging), cleaning (grooming), and social, in 11,897 film hours of sixteen individuals of Hudsonian godwits, *Limosa haemastica*, (8 challenged and 8 controls) four times a day for three months. Individuals were either challenged with a killed swine influenza vaccine or a sham injection, and one month later were boosted with a second challenge. We found that the immunological challenge significantly increased the locomotor activity (P>0.001) compared with the control group, mainly 24 hrs. after first and second challenges. Thus, migratory individuals facing novel antigens throughout the migration flyway have extra energy costs associated with more activity, such as flapping, flights, and walks, in detriment of resting, an essential activity needed to optimize limited resources during the fattening for a long-distance migration. Fondecyt N° 1191769. ANID scholarships N° 21212004, 21201700, 21180753.

Parásitos gastrointestinales en zorros de Sechura (*Lycalopex sechurae*) y perros domésticos (*Canis lupus familiaris*) en comunidades rurales circundantes a remanentes de Bosque Seco Tumbesino en Perú

Alejandro Pereda Sánchez1 | Belén Artiaga Arteaga1 | Carlos Calvo Mac1 | Roxana Marisol Mendoza Mendocilla1

1. Universidad Privada Antenor Orrego, Trujillo, Perú

Ponente: Alejandro Pereda Sánchez, rpsvet.25@gmail.com

San José (Pacasmayo), alberga algunos de los últimos remanentes de bosque seco Tumbesino al sur de su distribución, los cuales se encuentran fragmentados por el crecimiento de las comunidades rurales y la actividad agrícola. Uno de los conflictos con fauna silvestre, en esta localidad, es la interacción entre perros de libre desplazamiento y zorros de Sechura. Esta situación predispone a la transmisión de parásitos gastrointestinales de importancia para la salud pública y animal. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia y diversidad parasitaria en el zorro de Sechura y el perro doméstico, para lo cual se colectaron 21 muestras de heces frescas de zorros de Sechura en los remanentes de bosque seco de San José y 44 muestras de heces de perros de las comunidades circundantes, durante los meses de marzo a Julio del 2021. Las muestras fueron analizadas mediante la técnica de flotación y observacio-

nes directas. Del total de muestras analizadas se encontró que el 25% de muestras de perros fueron positivas, mientras que en zorros se obtuvo un 38% de muestras positivas. Las especies predominantes en perros fueron *Toxocara canis* (11.4%), *Ancylostoma* spp. (9.0%), *Taenia* spp. (2.3%), *Trichuris* spp. (2.3%), *Cystoisospora canis* (2.3%) y *Strongyloides* spp. (2.3%) mientras que en zorros fueron *Ancylostoma* spp. (19.0%), *Taenia* spp. (14.3%), *Strongyloides* spp. (4.8%), *Trichuris* spp. (4.8%) y *Toxocara* spp. (4.8%). Todas las especies encontradas son potenciales patogénicos en cánidos mientras qué *Toxocara canis*, *Ancylostoma* spp. y *Trichuris* spp. Son de importancia para la salud pública.

Sinopsis del género Borrelia (spirochaetales: spirochaetaceae) en Chile

Sebastián Muñoz Leal1

1.Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán Chile.

Ponente: Sebastián Muñoz Leal, sebamunoz@udec.cl

Las espiroquetas del género Borrelia infectan animales vertebrados y son transmitidas por garrapatas de los géneros *Ixodes* (Ixodidae) y *Ornithodoros* (Argasidae). El grupo Lyme (GL) y el grupo fiebre recurrente (GFR) se asocian a estas garrapatas respectivamente, que transmiten estos patógenos emergentes en América Latina. El estudio de *Borrelia* en Chile es incipiente y se desconocen casos en humanos o animales domésticos. El objetivo de este trabajo fue resumir y actualizar el conocimiento sobre *Borrelia* en Chile por medio de una revisión de literatura e inclusión de hallazgos no publicados. Ocho artículos referentes a *Borrelia* han sido publicados en Chile. Búsquedas de anticuerpos anti-Borrelia en humanos datan de 1996, pero la utilización de cepas alóctonas limitaron la interpretación de casos seropositivos debido a posibles reacciones cruzadas. Aun cuando en 2001 pesquisas de *Borrelia* en garrapatas resultaron negativas, en 2014 el aislamiento de *Borrelia chilensis* a partir de *Ixodes stilesi*, una garrapata asociada a roedores y ciervos nativos, impulsó nuevos estudios en Chile. Actualmente, tres genotipos del GL y GFR detectados en dos especies de roedores (Rodentia: Cricetidae) y al menos cinco especies de garrapatas se distribuyen desde Socoroma hasta Isla Navarino. Por otra parte, estudios preliminares en nuestro laboratorio indican que degus (Rodentia: Octodontidae) serían un hospedador competente para espiroquetas del GFR; además, pesquisas genéticas de *Borrelia* confirman a pudú y huemul (Theria: Cervidae) como animales refractarios frente a la infección y garrapatas positivas en la Isla Grande de Chiloé. El entendimiento ecoepidemiológico de *Borrelia* en Chile depende ahora en adelante del aislamiento de estas espiroquetas a partir de garrapatas y vertebrados nativos. En un futuro, la manutención de una colección nacional de estas bacterias será fundamental para evaluar la circulación de anticuerpos en animales silvestres, domésticos y también en humanos. Agradecimiento: Fondecyt Iniciación 11220177.

Detección de patógenos seleccionados en truchas arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*) de vida libre en Chile

Estefanía Méndez Salgado1 | Claudio Azat Soto1

1. Doctorado en Medicina de la Conservación & Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, República 252, Santiago, Chile.

Ponente: Estefanía Méndez Salgado, mvestefaniamendezs@gmail.com

La actual crisis hídrica ha tenido efectos devastadores en la biodiversidad dulceacuícola global. En Chile el 40% de especies de peces nativos continentales se encuentran en categoría de amenaza. En sus principales amenazas se encuentran poblacio-

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

nes ferales de salmónidos, particularmente la trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*), distribuida en ríos y lagos desde Putre a Magallanes. Con enfoque One-Health, considerando la presión antrópica sobre el ecosistema hídrico y el riesgo que representa *O. mykiss* como dispersor de patógenos, esta investigación evaluó la ocurrencia de tres patógenos comunes en salmonicultura: virus de pancreatitis necrótica infecciosa (IPNV), *Orthoreovirus piscícola* 3 (PRV-3) y *Flavobacterium psychrophilum* en individuos de *O. mykiss* ferales en Chile. Entre 2018 y 2020, a lo largo de Chile se muestrearon 20 sitios, capturando 30 individuos juveniles por cada uno, totalizando 600 muestras. De cada individuo se obtuvieron muestras de branquias, bazo y riñón. Se realizaron pools de tejidos por individuo, los cuales fueron procesados para realizar PCR a tiempo real para cada agente. De todas las muestras, se detectaron dos individuos positivos a *F. psychrophilum*, provenientes de los ríos Iculpe y Tepu (Regiones de Los Ríos y Los Lagos, respectivamente), y resultados negativos para IPNV y PRV-3. Analizar los tejidos de forma individual podría mejorar la precisión del método diagnóstico en el futuro. Las positividades se encuentran en ríos rurales de impacto evidente y mediano, en contacto con aguas tratadas de centros de crianza de salmonicultura, proponiendo un inadecuado control de calidad de las aguas. Si bien, las investigaciones de patógenos en Chile se encuentran limitadas a los centros de cultivo, el presente estudio es una base para evaluar los impactos de enfermedades infecciosas provenientes de la salmonicultura, y el rol de esta especie invasora como portadora y dispersora de patógenos de potencial riesgo para la fauna nativa. Fondecyt 1181758.

***Cyathostoma* sp. (Nematoda: Syngamidae) como agente causal de mortalidad en una lechuza blanca (Strigiformes: *Tyto alba*) del sur de Chile: Inferencias en su patología y sistemática**

Pablo Oyarzún-Ruiz1 | Mauricio Navarro2 | Sergio Donoso-Erch3 | Sebastián Muñoz-Leal 1

1. Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción; 2. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 3. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción.

Ponente: Pablo Oyarzún-Ruiz, pablooyarzunruiz@gmail.com

Nematodos del género *Cyathostoma* parasitan el sistema respiratorio de aves de diversos órdenes y constituyen patógenos de importancia para sus hospederos, causando cuadros respiratorios, además de predisponer a la infección por hongos Aspergillus. En consecuencia, estos parásitos representan un riesgo para las aves. No obstante, caracterizaciones patológicas para *Cyathostoma* son escasas. En el caso de las aves rapaces existen registros de estos nematodos, pero todos provienen del hemisferio norte. Solo dos estudios han discutido las relaciones evolutivas de estos endoparásitos, lo cual está agravado por la limitada disponibilidad de secuencias genéticas para comparación. El objetivo de este estudio fue identificar los syngamidos parásitos de lechuzas y caracterizar las lesiones causadas por estos. Se realizó la necropsia de 25 lechuzas provenientes de las regiones del Ñuble y Biobío, con solo un ave parasitada por 45 nematodos *Cyathostoma* sp. Aislados desde la tráquea, pulmones y sacos aéreos. Estos fueron caracterizados morfológicamente mediante microscopía óptica y microscopía electrónica de barrido. Esta carga parasitaria se asoció a lesiones graves del sistema respiratorio y sacos aéreos, con infiltraciones inflamatorias mixtas severas, particularmente alrededor de las masas de huevos presentes en el parénquima pulmonar, además de necrosis y colonización bacteriana. Considerando el diestrés respiratorio manifestado por el ave antes de fallecer naturalmente, las lesiones macro- y microscópicas, se sugiere que esta parasitosis fue la causante de la muerte del ave. Adicionalmente, estos nematodos se caracterizarán molecularmente mediante los genes SSU y LSU, e ITS, para luego evaluar su posición filogenética. Este estudio constituye el primer registro de *Cyathostoma* en un ave

rapaz distribuida en Sudamérica, entregando evidencia adicional a la discusión sobre la patología y sistemática de los syngamidos a nivel global. Así mismo, plantea la necesidad de mayor investigación en las diversas especies aviares que actúan como hospederos de estos nematodos desatendidos en el Neotrópico..

Parásitos Gastrointestinales en Roedores Silvestres en la Isla De Chiloé-Chilel

Patricio D. Carrera-Játiva1 | Constanza Torres2 | Fernanda Figueroa-Sandoval3 | Esperanza Beltrami4 | Claudio Verdugo5 | Carlos Landaeta-Aqueveque3 | Gerardo Acosta-Jamett 6

1. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Becario ANID Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, Chile. N. 21200220; 2. Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile; 4. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 5. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Center for Evolution and Disease Surveillance, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 6. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Center for Evolution and Disease Surveillance, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Patricio D. Carrera Játiva, patricio.carrera.j@gmail.com

Los parásitos gastrointestinales están bien documentados en roedores silvestres del centro-norte de Chile, pero se sabe poco sobre los endoparásitos de roedores en el sur de Chile. Este estudio tuvo como finalidad evaluar los parásitos gastrointestinales y factores de riesgo en roedores silvestres que habitan zonas rurales del norte de la Isla Chiloé, Chile. Entre enero y febrero de 2018, se capturaron y eutanasiaron roedores silvestres, de los cuales se recolectó 174 muestras fecales de seis especies nativas y una introducida. Para evaluar la presencia de huevos de parásitos y su identificación, se utilizó el método Mini-FLOTAC. Adicionalmente, mediante necropsia, los tractos gastrointestinales de 41 roedores de cuatro especies nativas fueron examinados para determinar los parásitos adultos. La prevalencia general de parásitos gastrointestinales a partir del examen coproparasitario y necropsia fue del 89,7% (156/174). Los tipos de huevos de helmintos incluyeron: *Rodentolepis* spp., Capillariidae, *Trichuris* sp., *Syphacia* sp., huevos de tipo oxiúrido, *Strongyloides* sp., huevos de tipo espirúrido, huevos de tipo estrongílido, *Moniliformis* sp. Y un morfotipo de huevo y larvas de nematodos no identificados. Las infecciones por protozoos consistieron en oocistos de coccidia, quistes de amebas y quistes de protozoos. Los parásitos adultos identificados fueron *Syphacia* sp. *Trichuris* sp., *Protospirura* sp. y *Physaloptera* sp. En Abrothrix olivacea, los individuos clasificados con un índice de masa corporal bajo presentaron una menor probabilidad de infección huevos espirúridos y estrongílidos. Los endoparásitos encontrados en este estudio pueden reconocerse como parásitos zoonóticos y afectar la salud humana. En entornos rurales donde las condiciones ambientales cambian constantemente debido a las actividades inducidas por el hombre, se deben realizar más investigaciones para comprender las infecciones parasitarias en los animales silvestres y sus implicaciones para la salud pública y conservación de especies silvestres. Fondecyt Nº 1170810. Permiso Bioética Nº 160816007/2017, Pontificia Universidad Católica de Chile.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Poblaciones residentes y migratorias de Galaxias maculatus (Jenyns, 1842) en el sur de Chile: posible efecto del parasitismo por *Tylodelphys* sp.

Ruby López-Rodríguez1 | Konrad Górski2 | Rodrigo Ramírez-Álvarez3

1. Programa de Doctorado en ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela de graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Facultad de Ciencias, Universidad Católica de la Santísima Concepción, Concepción, Chile.

Ponente: Ruby López-Rodríguez, ruby.lopez@uach.cl

Los parásitos pueden ejercer presiones sobre las dinámicas migratorias de peces, quienes buscan evitar infecciones o recuperarse de ellas escapando de los sitios infecciosos. Recientemente se han documentado las historias de vida de poblaciones del pez nativo *Galaxias maculatus* y los patrones parasitarios de *Tylodelphys* sp., quien habita la cavidad craneal del pez en un amplio rango geográfico. Pero, el escaso conocimiento sobre este sistema huésped-parásito en Chile lleva a pensar si la migración en estado larval resulta ser una estrategia para evitar el parasitismo. Por ello, el objetivo de este estudio fue evaluar si la presencia y abundancia del parásito se relaciona con los patrones de movimiento de los peces. A partir de la captura de 824 ejemplares de *G. maculatus* desde las cuencas de ríos Imperial, Cruces, Valdivia, Maullín y Bueno, durante las cuatro estaciones del año 2019, se realizaron análisis de la microquímica de otolitos (huesos de oído) para identificar los patrones de movimiento entre las distintas secciones de cada cuenca, considerando también la abundancia y prevalencia del parásito *Tylodelphys* sp. En cada una de ellas. Los resultados indicaron una variación significativa en las historias de migratorias de G. maculatus entre las cuencas y tramos de cada río, con dominancia de poblaciones residentes, caracterizadas por una alta abundancia de *Tylodelphys* sp. En contraste, las poblaciones de peces migratorios anfídromos se caracterizaron por la ausencia o muy baja abundancia de parásitos. De esta manera, se establece una relación positiva entre menor frecuencia de migraciones en las poblaciones de *G. maculatus*, y la presencia y abundancia del parásito *Tylodelphys* sp. Se discute la asociación de la frecuencia de historias de vida migratorias de *G. maculatus* con posibles mecanismos relacionados a escape de los sitios infecciosos y otros posibles causales.

Influencia de la alteración del hábitat en la estructura de comunidades de helmintos en pequeños mamíferos: Revisión sistemática y evaluación crítica de la evidencia actual

Patricio D. Carrera-Játiva1 | Gerardo Acosta-Jamett2

1. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Becario ANID Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo, Chile. N. 21200220; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; Center for Evolution and Disease Surveillance, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Patricio D. Carrera-Játiva, patricio.carrera.j@gmail.com

A pesar de los numerosos reportes sobre los efectos de la alteración antropogénica del hábitat en la variación de comunidades de helmintos en animales silvestres, la evidencia aún no es concluyente. Se realizó una revisión sistemática a través de la guía PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Review and Meta-Analysis) para compilar y sintetizar los estudios publicados sobre la influencia de la alteración del hábitat en la estructura de las comunidades de helmintos en pequeños mamíferos. El objetivo de esta revisión fue describir la variación (i.e., prevalencia, intensidad

y riqueza) de helmintos influenciada por la alteración antropogénica del hábitat y discutir las teorías que pueden explicar dichos cambios. Se revisaron 22 artículos científicos publicados entre 2005 y 2022, la mayoría en primates y roedores. De los estudios revisados, 21 evaluaron prevalencia, 13 riqueza y 9 carga parasitaria (i.e., intensidad y/o abundancia). Alrededor de un tercio de los estudios encontraron un aumento de helmintos tanto monoxenos o heteroxenos en ambientes alterados. Sin embargo, la mayoría de las publicaciones reportaron patrones inconsistentes respecto a la variación de la presencia de parásitos de ciclos directos e indirectos y la alteración del hábitat. Los helmintos monoxenos y heteroxenos podrían aumentar en ambientes alterados cuando la densidad de sus hospedadores es incrementada y las condiciones ambientales favorecen la sobrevivencia de formas reproductivas parasitarias o de hospedadores intermediarios o paraténicos. Por otro lado, los parámetros de infección de helmintos podrían reducirse por disminución en la población de hospedadores definitivos e intermediarios y condiciones abióticas desfavorables a la viabilidad de los huevos y larvas. Debido a que la alteración antropogénica de los hábitats puede ser particular respecto al tiempo y forma, es necesario realizar más estudios a largo plazo que permitan entender cómo la alteración del hábitat afecta a la estructura de comunidades de helmintos en animales silvestres.

Las infecciones por el parásito intracraneal *Tylodelphys* sp. Provocan variaciones en el nicho isotópico de *Galaxias maculatus* (Jenyns, 1842)

Laura Victoriano-Habit1 | Ruby López-Rodríguez2 | Konrad Górski2

1. Departamento de Sistemas Acuáticos, Facultad de Ciencias Ambientales, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 2. Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Laura Victoriano-Habit, lvictorih@gmail.com

El fenómeno de transmisión trófica aumentada por parásitos (PITT) corresponde al aumento de la susceptibilidad de un hospedador a ser depredado, dado los cambios conductuales o fenotípicos inducidos por una infección parasitaria. Esto aumenta el éxito reproductivo de parásitos cuyos ciclos de vida involucran la transmisión trófica del parásito entre hospedadores. Las consecuencias del fenómeno PITT pueden ser estudiadas mediante la cuantificación del nicho ecológico a partir de la composición isotópica de los tejidos de un organismo, conocido como nicho isotópico. Recientemente se describió este fenómeno en la relación entre el parásito Tylodelphys sp. Y el pez nativo chileno *Galaxias maculatus*. Para evaluar el efecto de la presencia e intensidad de las infecciones por Tylodelphys sp. Sobre el nicho de *G. maculatus*, se recolectaron individuos de esta especie y productores primarios y secundarios en cuatro ríos de Chile situados ente 38° y 41° sur. Se evaluó la cantidad de larvas de Tylodelphys sp. Por pez y se proyectó el espacio del nicho isotópico de cada muestra, basado en valores µ13C y µ15N. Se recolectaron 137 individuos de *G. maculatus* y 839 *Tylodelphys* sp. Desde 69 peces infectados. Se encontró que la presencia e intensidad de las infecciones por Tylodelphys sp. Está asociada con la amplitud del nicho de *G. maculatus*, de manera que los peces infectados poseen un nicho de mayor rango de µ13C, debido a más frecuente enriquecimiento en 13C. Se concluye que la alteración de la conducta de G. maculatus asociada a las infecciones por *Tylodelphys* sp. Está relacionada con una dieta basada en una mayor diversidad de fuentes alimenticias. Se discuten las implicancias ecológicas de la modificación de la conducta de esta especie clave, y la importancia de la inclusión de organismos parásitos en los estudios de carácter ecológico.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Fluctuaciones estacionales en infestación por garrapatas del género *Ixodes* en *Phyllotis darwini* en el Parque Nacional Fray Jorge y hacienda el Tangue en el norte de Chile

Esperanza Beltrami1 | Josefina Gutiérrez2 | Claudio Verdugo2 | Daniel González-Acuña3 | Gerardo Acosta-Jamett1

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Universidad de Concepción, Chillán, Chile.

Ponente: Esperanza Beltrami, beltramiwoelkar@gmail.com

Cambios bióticos y abióticos en paisajes antropizados tienen influencia en la ecología y fisiología de hospederos silvestres y sus parásitos. Este estudio buscaba evaluar la diferencia en la infestación con garrapatas en el roedor nativo *Phyllotis darwini* en dos áreas con diferente grado de intervención antrópica y evaluar factores ambientales y del hospedero asociados. Entre tres periodos de primavera-verano en los años 2018-2019, 2019-2020 y 2021-2022 se capturaron e inmovilizaron químicamente roedores en sitio silvestre en PN Fray Jorge y en área rural aledaña. Durante cinco minutos se removieron garrapatas, depositándose en tubos con etanol para posterior identificación. Factores del hospedero (edad, sexo) y ambientales (estación, sitio) se evaluaron mediante GLMM con errores binomiales para evaluar su asociación con la presencia de garrapatas en R. En total, se capturaron 446 roedores, de los cuales 15.9% estaban parasitados con garrapatas del género *Ixodes*. En las áreas silvestres y rurales, se capturaron 257 y 189 roedores, observándose mayores tasas de infección en el área silvestre (20.2%) que en el área rural (10.1%). Por otro lado, los roedores capturados en primavera y verano fueron 288 y 158, respectivamente, mostrando mayor tasa de infestación en verano (28.5%) comparado con primavera (9.0%). Además, se observaron diferencias entre años de muestreo, con un incremento desde 2018-2019 (17.9%, 30/168) comparado con el periodo 2019-2020, donde la mayor tasa fue encontrada (32.8%, 19/58), disminuyendo luego en el periodo 2021-2022 (10.0%, 22/220). La estacionalidad encontrada probablemente se debe a restricciones de temperatura en el ciclo de las garrapatas y la menor infestación en sitios antropizados pudiera deberse a la menor cantidad de hospederos para el desarrollo de los ectoparásitos. Finalmente, fluctuaciones anuales están probablemente asociadas a una combinación de factores bióticos (eg. Densidad poblacional) y abióticos (sequía en 2019). Fondecyt Nº 1180119, 1211190, Beca doctoral Nº 21171018, 21201700.

Efecto del impacto antrópico sobre condición corporal y perfil leucocitario de roedores silvestres en el norte de Chile

Luis Aguilar1 | Esperanza Beltrami1 | Claudio Verdugo2 | Gerardo Acosta-Jamett1

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.

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

La modificación de los ambientes ocasionada por el ser humano genera múltiples impactos sobre individuos silvestres afectando su adecuación biológica. El objetivo de este estudio fue evaluar los factores del hospedero y del ambiente que pudieran estar asociados al conteo de leucocitos en roedores (*Phyllotis darwini*) silvestres en áreas con diferentes grados de antropización. En primavera y verano entre 2018 a 2020 se capturaron roedores en 200 trampas/grilla en 12 grillas de 2 hectáreas ubicadas tres por cada área con diferente grado de alteración antrópica: (1) periur-

bana, (2) rural y (3) silvestre. A cada animal se le determinó sexo, medidas morfométricas y peso. Con estas últimas medidas se estimó la condición corporal. Muestras de sangre fueron depositadas en tubos capilares heparinizados para realizar frotis y tinción rápida Hemacolor®. Posteriormente, se realizó conteo de leucocitos mediante microscopía directa (200X) en 20 campos visuales. Se calculó la relación neutrófilo:linfocito (N:L) y se evaluaron diversos factores sobre el conteo de leucocitos totales, linfocitos, neutrófilos, eosinófilos, monocitos y rN:L mediante regresión binomial negativa. Se capturaron 339 animales con un esfuerzo de 33,840 trampas/noche. En total, 27%, 25% y 48% de las capturas ocurrieron en los sitios periurbano, rural y silvestre, respectivamente. Se observó que la condición corporal disminuía en los sitios más alterados. Además, se encontró que el conteo de leucocitos totales, neutrófilos y linfocitos del área periurbana y rural eran mayores que en el área silvestre y aumentaban con la condición corporal. No se encontró variables asociadas al conteo de eosinófilos, monocitos o rN:L. Los hallazgos obtenidos sugieren que los roedores en áreas perturbadas podrían encontrarse más expuestos a una mayor cantidad de desafíos antigénicos y estrés nutricional, adecuando su respuesta inmune debido al alto costo que esto conlleva, pudiendo comprometer su reproducción y sobrevivencia. Fondecyt Nº 1180119.

Antimicrobial resistant Enterobacteriaceae in Chilean bats

Júlia Ferraz Cereda Martinez[1], Juliana Marigo[1], Pedro Enrique Navas Suárez[1], José Luiz Zulma Rojas-Sereno1 | Daniel Streicker2 | Sylvain Godreuil3 | Tania Suarez1 | Verónica Yung4 | Michelle Lineros4 | Julio Benavides1

1. Centro de Investigación para la Sustentabilidad y Doctorado en Medicina de la Conservación /Facultad Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile; 2. Institute of Biodiversity, Animal Health and Comparative Medicine, MRC-University of Glasgow Centre for Virus Research; Glasgow, UK; 3. MIVEGEC, Research Institute for Development, Montpellier, France; 4. Sección Rabia, Departamento Laboratorio Biomédico, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Zulma Rojas-Sereno, z.rojassereno@uandresbello.edu

Antimicrobial-resistant bacteria of clinical importance for humans and domestic animals such as extended-spectrum-beta-lactamase-producing (ESBL) and carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae can be commonly found among wildlife worldwide. However, few studies have investigated their prevalence among bats, particularly the ones living in close proximity to humans. In this study, we aimed to estimate the prevalence of ESBL and Carbapenemase-resistant Enterobacteriaceae among non-rabid dead bats submitted to the rabies national passive surveillance program from the National Health Institute in Chile. Rectal swabs were collected for bats reported as rabies negative from February to November 2021. Samples were screened for extended-spectrum-beta-lactamase-producing (ESBL) in MacConkey media supplemented with cefotaxime (CEF) and for carbapenem-resistant Enterobacteriacea in MacConkey media supplemented with imipenem (IM) antibiotics. From 263 fecal samples, 45 (17%) were identified as cefotaxime-resistant enterobacteria including bats from 8 out of the 11 Chilean regions sampled. Most positive samples were obtained from *Tadarida brasiliensis*, although an individual of *Histiotus macrotus, Lasiurus cinereus* and *L. varius* also have resistant bacteria. MALDI-TOF identification of bacterial species shows that all bacteria were *Rhanella aquatilis*, except for one isolate of *Pseudomonas azotoformans* and another of *Serratia fonticola*. No lactose-positive Enterobacteria was resistant to Imipenem. To our knowledge, this is the first screening of antibiotic-resistant bacteria in bats of Chile, suggesting the potential fecal carriage of cephalosporin-resistant bacteria in bats, but low or no carriage of ESBL or Carbapenemase-resistant common Enterobacteria such as *E. coli.*

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

First record of Dioctophyme renale in Pampas fox (*Lycalopex gymnocercus*)

TJavier Aníbal Origlia1 | Marcos Javier Butti2 | María Manuela López3 | Nelly Grisell Martínez3 | Luis Fazzio4 | María Inés Gamboa2 | Nilda Radman2

1. Cátedra de Patología de Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina y Estación de Cría de Animales Silvestres (ECAS), Dirección de Flora y Fauna, Ministerio de Desarrollo Agrario, Buenos Aires, Argentina; Laboratorio de Parasitosis Humanas y Zoonosis Parasitarias, Cátedra de Parasitología Comparada, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; 2. Laboratorio de Parasitosis Humanas y Zoonosis Parasitarias, Cátedra de Parasitología Comparada, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; 3. Estación de Cría de Animales Silvestres (ECAS), Dirección de Flora y Fauna, Ministerio de Desarrollo Agrario, Buenos Aires, Argentina; 4. Laboratorio de Patología Especial Veterinaria (LAPEVET) Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.

Ponente: Javier Aníbal Origlia, javieroriglia@yahoo.com

Dioctophimosis is a helminthiasis caused by Dioctophyme renale, nematode known as “giant kidney worm”, which affects various species of wild and domestic carnivores. The Pampas fox (*Lycalopex gymnocercus*) is the most abundant wild canid from South America. This wild canid inhabits natural, peri-urban and highly modified by agricultural activities areas. The aim of this study was to describe a case of dioctophymosis in a Pampas fox. In May 2022, a Pampas fox wandering in a peri-urban area around the city of La Plata, Buenos Aires (57°57’16.3 W; 34°55’17.22 S), Argentina, was rescued and housed at the Estación de Cría de Animales Silvestres (ECAS) to assess its health status and subsequent relocation. The animal died suddenly 72 hours after rescue and an abbreviated necropsy examination was performed. Pathological findings included the presence of an adult female specimen of *Dioctophyme renale*, 40 cm long and 0.6-0.7 cm in diameter, accompanied by a marked reduction of the right kidney parenchyma and considerable enlargement of the left kidney. Other findings were diffuse haemorrhages in the mesentery, a greyish-white area in the right lateral lobe of the liver and a yellowish-white, fatty-looking mass 0.5 cm in diameter at the base of the heart. The rest of the organs showed no lesions. The identification of the nematode was based on its morphological characteristics: size, characteristic red colour and small mouth without lips, surrounded by six papillae on the anterior extremity. In addition, the transversely striated cuticle and obtuse caudal limb with terminal anus were observed. *Dioctophyme renale* has been reported in several countries in different mammal species. This is the first record in a Pampas fox. This finding was recorded in an endemic area for this parasitosis in domestic dogs. Further studies should assess the contribution of this species to the dynamics of *Dioctophyme renale*.

Ausencia de *Echinococcus granulosus* en zorros silvestres que habitan en un gradiente de antropización en Coquimbo, Chile

Michelle Cueva Pazos1-2 | Felipe Hernández Muñoz2 | Patricio Carrera Játiva1-2 | Gerardo Acosta-Jamett2-3

1. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Michelle Cueva Pazos, mishicueva@yahoo.com

Echinococcus granulosus es un parásito zoonótico en cuyo ciclo biológico participan ungulados (principalmente ovinos) como hospederos intermediarios, y cánidos prin-

cipalmente perros domésticos, aunque también silvestres, como hospederos definitivos donde se desarrolla el parásito adulto. Estudios previos en Chile reportaron la detección tanto de anticuerpos contra antígenos de *E. granulosus* y quistes hidatídicos en humanos, como de antígenos del parásito en fecas de perros y de dos zorros, no obstante, éste no se ha detectado con técnicas moleculares. La finalidad del presente estudio fue evaluar la presencia del parásito en zorros silvestres (*L. culpaeus* y *L. griseus*) que habitan en un gradiente de antropización en la región de Coquimbo, norte de Chile. Durante tres temporadas entre 2018-2019 se capturaron zorros silvestres en tres áreas (periurbano, rural y silvestre), mediante cepos acolchados colocados durante 8-10 días por temporada, activados durante la noche y revisados en la mañana. Cada lugar de captura fue georreferenciado. De 83 zorros capturados se obtuvieron 57 muestras, previa anestesia con ketamina y medetomidina, e identificación con microchip subcutáneo. Se colectaron fecas frescas directamente del animal o del lugar de trampeo, manteniéndolas en etanol al 70% en tubos Falcon. Se revirtió la anestesia con atipamezol. En laboratorio las muestras se congelaron a -80°C durante 10 días para inhibir la sobrevivencia de huevos del parásito y se filtraron previo a la extracción de ADN. Finalmente se realizó PCR del gen mitocondrial 12S rRNA para la detección del parásito en las muestras; sin embargo, ninguna resultó positiva. En los últimos años debido a una megasequía y a factores económicos, ha disminuido la población de ovinos en el área de estudio, que sumado al bajo tamaño muestreal, y a la no depredación o carroñeo de zorros sobre ganado, podrían explicar la ausencia del parásito en este estudio. EU-LAC/FONIS T020067.

Patrones de infección por helmintos gastrointestinales en *Rattus rattus*, *Rattus norvegicus* y *Mus musculus* en Chile

Carlos Landaeta-Aqueveque1 | Alexandra Grandón-Ojeda2 | Lucila Moreno3 | Carolina Garcés-Tapia3 | Fernanda Figueroa-Sandoval1 | Jazmín Beltrán-Venegas1 | Josselyn Serrano-Reyes1 | Bárbara Bustamante-Garrido1 | Felipe Lobos-Chávez1 | Hellen Espinoza-Rojas1 | María Carolina Silva-de la Fuente4 | AnaLía Henríquez5

1. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción; 2. School of Biological Sciences, University of Bristol, United Kingdom; 3. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción; 4. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule; 5. Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián.

Ponente: Carlos Landaeta-Aqueveque, clandaeta@udec.cl

Pocos estudios han evaluado los patrones de infección de las poblaciones de parásitos de roedores en un gradiente longitudinal en Chile. En este trabajo, se examinó la fauna helmíntica gastrointestinal de roedores invasores en Chile para evaluar la asociación de su ocurrencia (presencia/ausencia) y abundancia con la latitud, el sexo y la condición corporal del hospedador, y para evaluar la coexistencia y correlación de la abundancia entre especies de parásitos. Se obtuvieron 280 roedores de 20 localidades entre 33° S y 43° S. Se extrajeron helmintos del tracto gastrointestinal y se identificaron morfológicamente. En total, se obtuvieron 13 taxones de helmintos. La especie de parásito más frecuentemente identificada fue *Heterakis spumosa*, y la más abundante fue *Syphacia muris*, mientras que *Physaloptera* sp. fue el taxón más ampliamente distribuido. En ninguna localidad examinada se presentaron coexistencias con frecuencias diferentes a las esperadas por azar, mientras que las abundancias de cinco especies helmínticas se correlacionaron con la abundancia de otra en al menos una localidad, muy probablemente debido a la coinfección más que a la interacción. El sexo del hospedador se asoció con la presencia o abundancia de parásitos, observándose mayor parasitismo en hembras en todos los casos. La condición corporal y la latitud presentaron una asociación positiva o negativa con la presencia o abundancia de parásitos dependiendo de la especie. El taxón probablemente nativo Physaloptera sp. está ampliamente distribuido entre roedores invasores y se encontraron hembras

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

grávidas, lo que sugiere un efecto amplificador de los roedores introducidos. La baja frecuencia y abundancia de *Hymenolepis diminuta* y *Rodentolepis nana*, altamente zoonóticas, sugieren que los roedores son de baja preocupación con respecto a los helmintos zoonóticos gastrointestinales. .

Primer hallazgo de la garrapata *Amblyomma tigrinum* parasitando un chingue, *Conepatus chinga*, en la zona norte-centro de Chile

Jonatan Manqui1 | Felipe Hernandez2 | María C. Silva-de la Fuente3 | Gerardo Acosta-Jamett 2

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Programa de Magíster en Ecología Aplicada, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases (CSEID); 3. Escuela de Medicina Veterinaria, Departamento de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule.

Ponente: Jonatan Manqui, amanqui2017@gmail.com

Las garrapatas del género Amblyomma tienen una amplia distribución geográfica en Sudamérica y en Chile se han descrito tres especies: *A. triste, A. parvitarsum* y *A. tigrinum*. El chingue o zorrillo (*Conepatus chinga*) es un mamífero sudamericano que ha sido estudiado en aspectos ecológicos, dietéticos y taxonómicos; sin embargo, los parásitos que lo infectan han sido escasamente reportados. En este estudio reportamos la infestación de un chingue con *A. tigrinum*. En abril de 2020 capturamos un chingue macho adulto, el cual fue inmovilizado y anestesiado en el marco de un estudio epidemiológico, el cual estaba parasitado por un total de nueve garrapatas adultas (ocho machos y una hembra), los cuales fueron descritos e identificados morfológicamente con un microscopio estereoscópico. Dos de estas garrapatas fueron posteriormente confirmadas a través de microscopia electrónica de barrido (MEB). Estas últimas garrapatas correspondieron a machos de A. tigrinum, que tienen una espina larga y fuerte en las coxas I y IV, espolón en la coxa IV que no llega al ano, coxas II y III con una espina corta y obtusa, una espina en las tibias II a IV, placa espiracular en forma de coma, escutum ornamentado, ausencia de tubérculos en la cara ventral de los festones, surco marginal completo y piezas bucales más largas que la base de los capítulos. Debido a la gran plasticidad de A. tigrinum para habitar diferentes ambientes y su especificidad estricta a moderada por el orden Carnívora, sugerimos que *C. chinga* podría actuar como un hospedador para esta garrapata. La comunidad de carnívoros silvestres que habitan en el área de estudio está compuesta principalmente por cánidos silvestres, reportados previamente como hospederos de A. tigrinum, sugiriendo la participación de diferentes especies de carnívoros silvestres, incluyendo al chingue, en el ciclo de esta garrapata en la zona. Fondecyt 1180119 y 3180111.

Abundancia de la garrapata *Amblyomma tigrinum* (Acari: Ixodidae) parasitando zorros silvestres en una gradiente de antropización del norte-centro de Chiles

Felipe Hernández Muñoz1 | Jonatan Manqui2 | Daniel González-Acuña3 | Esperanza Beltrami4 | Claudio Verdugo5 | Gerardo Acosta-Jamett1

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Programa de Magíster en Ecología Aplicada, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile;

3. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile; 4. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 5. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Felipe Hernández Muñoz, felipe.hernandez@uach.cl

Amblyomma tigrinum habita áreas con diversas condiciones climáticas, generalmente parasitando en estado adulto a miembros de la familia Canidae, por ejemplo, zorros chilla y culpeo. Describimos por primera vez las cargas de infestación de *A. tigrinum* en zorros silvestres, capturados en tres sitios distribuidos a través de una gradiente de antropización (definidos como periurbano, rural y silvestre), además de variables ambientales como predictores de la abundancia de garrapatas en dichos hospederos. Entre 2018-2020 (primavera y verano), capturamos 116 zorros (44 chillas y 72 culpeos), 102 de ellos infestados por garrapatas (87.9%, CI=80.6-93.2%). Recolectamos 996 garrapatas adultas de A. tigrinum (561 machos y 435 hembras), estimando una abundancia media (AM) de 8.6±0.8 garrapatas por hospedero. Los zorros muestreados del sitio periurbano albergaron 467 garrapatas (AM=11.7±1.6) y aquellos de los sitios rural y silvestre 269 (AM= 9±1.5) y 260 (AM=5.7±1.0) garrapatas, respectivamente. Durante primavera y verano recolectamos 647 (AM=11.8±1.4) y 349 garrapatas (AM=5.7±0.7), respectivamente. Utilizamos modelos binomiales negativos para analizar la relación entre cargas parasitarias con variables hospedero-dependientes y ambientales. Basados en el modelo mejor posicionado según criterio AIC, las cargas de garrapatas presentes en zorros de las zonas periurbana y rural fueron mayores a la que presentaron zorros del área silvestre (2,34 y 1,71 veces mayor, respectivamente); mientras que la carga parasitaria en verano decreció un 57%, en comparación a la primavera. La mayor humedad relativa registrada en el sitio periurbano (en comparación con el sitio silvestre), podría explicar la mayor abundancia de garrapatas en zorros, quizás permitiendo su adaptación a las condiciones de alta temperatura media registradas en dicho sitio. La actividad y metabolismo de *A. tigrinum* podrían ser modulados por extremas fluctuaciones de temperatura y humedad asociadas a la mega-sequía imperante durante el estudio, quizás explicando mayores abundancias de garrapatas durante la primavera. Fondecyt 1180119 y 3180111..

El uso de hábitat determina estructura parasitaria de peces en el río Biobío, Chile

Pamela Pinto1 | Fernanda Soto1 | Melissa Rebolledo2 | Evelyn Habit | Konrad Górski1

1. Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja, Valdivia, Chile; 2. Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Departamento de Sistemas Acuáticos, Facultad de Ciencias Ambientales y Centro EULA – Chile, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Ponente: Pamela Pinto, pamela.pinto@alumnos.uach.cl

La fauna íctica de los ríos de Chile se caracteriza por baja diversidad de especies, alto grado de endemismo y alta riqueza de especies en la zona centro-sur del país. Un aspecto biológico poco explorado en estos peces son sus comunidades de parásitos, organismos que usualmente son ignorados en análisis de biodiversidad. Sin embargo, los análisis de las comunidades parasitarias permiten dilucidar características claves del funcionamiento del ecosistema de río tales como comportamientos tróficos y uso del hábitat de los peces hospederos. El objetivo de este estudio fue comparar la prevalencia e intensidad de las infecciones y la estructura parasitaria en función al uso de hábitat de cuatro especies de peces de la cuenca del río Biobío: bentónico *Trichomycterus areolatus*, pelágicas *Galaxias maculatus* y *Basilichthys microlepidotus* y bentopelágica *Percilia irwini*. Se analizó un total de 197 peces de la cuenca en

donde se identificó, mediante morfometría, un total de once especies parasitarias: siete digeneos, dos nemátodos, un acantocéfalo y un bivalvo. Las diferentes especies de hospederos difirieron en su estructura comunitaria (PERMANOVA; Pseudo-f: 43,581, P < 0,01). Los peces de hábitats pelágicos se caracterizaron por mayor prevalencia e intensidad del parásito cerebral *Tylodelphys* sp., mientras que en los peces con hábitos bentónicos y bentopelágicos *Acanthostomoides* sp., *Posthodiplostomum* sp. y *Genarchella* sp. fueron más prevalentes, pero con bajas intensidades. Los resultados sugieren que los peces pelágicos son más susceptibles a infestaciones por digeneos que ingresan activamente a sus hospederos y tienden a modificar sus comportamientos, modificando el uso del hábitat y obtención de recursos. En cambio, los peces de hábitats bentónicos presentan una comunidad parasitaria con significativamente menores intensidades y más homogénea, asociada principalmente a parásitos de transmisión trófica que son más susceptibles a las tasas de recambio debido al sitio de infestación donde se asientan. Fondecyt-1190647.

Caracterización de la serie leucocitaria y su relación con la prevalencia de Corynebacterium pseudotuberculosis y abscesos en huemules (*Hippocamelus bisulcus*), región de Aysén

Daniel Medina-Oviedo1 | Guillermo Díaz2 | Melanie Duclos3 | Gabriela Flores-Benner3 | María Paz Marzolo4 | Marília Salgado-Caxito1 | Rodrigo Sandoval2 | Matías Vial2 | Fernando Mardones1

1. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; 2. Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) Coyhaique, Región de Aysén; 3. Center of Applied Ecology and Sustainability (CAPES), Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile; 4. Depto. de Biología Celular y Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Daniel Medina-Oviedo, dmedinaov@gmail.com

Las enfermedades infecciosas emergentes constituyen una amenaza creciente para el huemul (Hippocamelus bisulcus), ciervo endémico de la Patagonia, en peligro de extinción. Desde 2013 en el Parque Nacional Cerro Castillo (PNCC) se han registrado casos de huemules con abscesos subcutáneos e internos, disminución de condición corporal y muerte. Mediante cultivo microbiológico y aislamiento, se identificó como el agente etiológico a *Corynebacterium pseudotuberculosis* (*C.p.*), una bacteria cosmopolita asociada al ganado que causa la enfermedad Linfoadenitis caseosa. Esta investigación busca caracterizar la fórmula leucocitaria de huemules, información fundamental para un futuro desarrollo de procedimientos de diagnóstico del estado sanitario, prevención y tratamiento de enfermedades infecciosas en el huemul. Para ello, entre 2016 y 2022, SAG con apoyo de CONAF, Fundación Rewilding Chile, Fundación Parque La Tapera y CAPES, tomó 66 muestras sanguíneas de individuos provenientes de PNCC, Lago Paloma (LP), adyacente al PNCC, y otras localidades (O) de la región. A partir de los análisis clínicos y de laboratorio, se definieron tres estatus sanitarios: Aparentemente Sano (sin abscesos), Absceso (presencia de abscesos sin aislamiento del agente) y Absceso+*C.p.* (presencia de absceso con aislamiento de *C. pseudotuberculosis*). Los resultados mostraron neutrofilia y linfopenia aparente en la fórmula leucocitaria de los huemules estudiados. El recuento de neutrófilos fue significativamente más alto en PNCC que en O y LP, y sin diferencias significativas entre O y LP. El recuento de neutrófilos fue significativamente mayor en individuos con estatus sanitario Absceso y Absceso+*C.p.* que en individuos con estatus Aparentemente Sano, y sin diferencias significativas entre individuos de los estatus Absceso y Absceso+C.p. Estos resultados constituyen los primeros antecedentes para la caracterización de los parámetros sanguíneos del huemul, muestran su relevancia como herramienta de diagnóstico sanitario y constituyen un ejemplo de la importancia de la investigación intersectorial.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Latitudinal gradients of hemoparasite infection prevalence and genetic diversity in reptiles

Joana Mayra de Oliveira Pires[1], Whitney L. Collins[2], Lilian Silva Catenacci[3]
Pedro Pablo Álvarez1 | Daniel Gonzalez-Acuña2 | Lucila Moreno3 | Claudio Verdugo1

1. Laboratorio de Ecología y Evolución de Enfermedades Infecciosas, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 2. Laboratorio de Zoología y Vida Silvestre, Departamento de Ciencias Pecuarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile; 3. Laboratorio de Ecología Parasitaria, Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Ponente: Pedro Pablo Álvarez, dmedinaov@gmail.com

Latitudinal diversity gradients are recognized as one of the most important biogeographic patterns in ecology, which allow the explanation of taxonomic, phylogenetic and functional aspects of biodiversity. The objective of this study was to understand the changes in prevalence and genetic diversity of hemoparasites infecting reptiles across a wide geographic range in Chile. Using light microscopy and/or PCR (amplifying the 18S rRNA), we analyzed 1050 individual samples (blood or tail) of 39 species of reptiles captured in 39 locations between latitudes 18° to 42°S in 2010-2019. A total prevalence of 23.7% was obtained, being 17% for *Lankesterella* spp. and 7.8% for *Hepatozoon* spp. Furthermore, *Lankesterella* spp. presents a greater diversity of haplotypes (0.94 ± 0.02) than *Hepatozoon* (0.74 ± 0.09). Mixed generalized linear models were built randomizing the effect of host species as a function of latitude. Interestingly, the probability of *Hepatozoon* infection decreases as a function of latitude, while Lankesterella presents an increased probability of infection in reptiles at higher latitudes. In addition, northern, central and southern areas of Chile, evaluated through haplotype networks, show genetically distinct parasite populations. Our results show the importance of latitudinal effects on the prevalence and genetic diversity of blood parasites in reptile host populations, with clearly established phylogeographic patterns for the two parasites under study.

Parásitos intestinales de *Rattus rattus* en ecosistemas de bosques templados del sur de Chile

Cristián Álvarez1 | André V. Rubio2 | Maira Riquelme2 | Rodrigo Salgado2 | Fernando Novoa3 | Cristián Bonacic4

1. Escuela de Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica de Chile; 2. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 3. Facultad de Agronomía y Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile; 4. Escuela de Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica de Chile.

Ponente: Cristián Álvarez, c.alvarezrojas@uc.cl

La rata negra (*Rattus rattus*) es una de las especies más cosmopolitas entre los mamíferos silvestres. Su capacidad de invasión la ha llevado a todos los continentes, excepto la Antártica. Además, es un reservorio importante de parásitos, algunos de los cuales pueden ser zoonóticos. A pesar de ello, en la zona sur de Chile el estudio de parásitos de la rata negra es escaso. El objetivo de este estudio fue analizar la fauna parasitaria intestinal de este roedor en distintas zonas de bosques templados y zonas agrícolas de la región de La Araucanía en Chile. Durante 2021 y 2022 hemos realizado capturas de roedores en distintas zonas de las comunas de Pucón y Villarrica. De un total de 8.376 noches trampas, se han capturado 196 ejemplares de *Rattus rattus*. Actualmente se han analizado 138 muestras de heces mediante análisis coproparasitarios (Telemann modificado y Ziehl-Neelsen), identificando los siguientes parásitos (protozoos y helmintos): *Cryptosporidium* sp.,

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Giardia sp., *Capillaria* sp., *Heterakis* sp., *Hymenolepis* sp., *Syphacia* sp. y *Physaloptera* sp. Además, un total de 58 ratas han sido eutanasiadas y se obtuvo el contenido intestinal de cada individuo. Las muestras de contenido intestinal serán sometidas a sedimentación/flotación y SAFC y observadas al microscopio y una alícuota de contenido intestinal será preservada para caracterización molecular. Los helmintos adultos encontrados en el intestino serán clasificados morfológicamente. Helmintos y/o huevos de parásitos serán sometidos a PCR usando diversos sets de primers que permitan la amplificación de ADN parasitario específico y su secuencia será usada para comparación usando bases de datos de ácidos nucleicos. En nuestro conocimiento, este es el primer estudio sobre parásitos intestinales de la rata negra en bosques templados andinos del sur de Chile. Financiamiento Fondecyt 1221644, Fondecyt 11180631, PAI77180009. Autorizaciones bioéticas de la Universidad de Chile y P. Universidad Católica de Chile..

Distribución del género *Trichinella* en animales silvestres a nivel mundiall

Carlos Landaeta-Aqueveque1 | Vanesa Crisóstomo-Jorquera1

1. Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Patología y Medicina Preventiva.

Ponente: Carlos Landaeta-Aqueveque, clandaeta@udec.cl

El género *Trichinella* tiene una distribución mundial, infectando a personas, animales domésticos y silvestres. Incluye 13 genotipos y se transmite a las personas mediante ingestión de carne poco cocida. Históricamente se ha asociado con cerdos, pero la mayoría de las especies de Trichinella afectan a animales silvestres. Por esto, es importante monitorear las fuentes de transmisión a los animales domésticos y a humanos. El objetivo fue analizar la presencia de *Trichinella* en animales silvestres e identificar las necesidades de futuras investigaciones en la epidemiología del ciclo silvestre. Se buscaron estudios publicados hasta 2021 utilizando Web-of-Science y SciELO. En el Paleártico, los hospederos más comúnmente estudiados fueron los jabalíes y los zorros rojos, y los hospederos con las prevalencias más altas fueron los osos polares y las martas. En el Neártico, los zorros rojos y los osos negros fueron los hospederos más frecuentemente estudiados, y la mayor prevalencia se encontró en los glotones y los osos pardos. En el Neotrópico, los jabalíes fueron la especie más comúnmente estudiada, y los armadillos aquélla con la mayor prevalencia. En el Afrotrópico, *Trichinella* limita su presencia al África Subsahariana, donde los leones son los hospederos más estudiados, y las hienas manchadas presentaron la mayor prevalencia. En las ecozonas de Indo-Malaya y Australasia, la información sobre la presencia de Trichinella en vida silvestre es escasa; la rata noruega es el hospedero más estudiado, y el demonio de Tasmania tiene la mayor prevalencia de infección. En la última década, la investigación sobre la vida silvestre mundial ha aumentado, lo que coincide con la mayor frecuencia de brotes de triquinelosis causados por el consumo de animales silvestre. Los resultados sugieren la necesidad de aumentar la investigación en los países en desarrollo, en particular donde se dispone de fuentes más diversas de carne para el consumo humano.

***Rattus norvegicus* colonizados por enterobacterales productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) en una zona urbana de Talcahuano.**

Lucila Moreno Salas1 | Valentina Sepúlveda2 | Fredy Riquelme2 | Jacqueline Salvo3 | Solange Jara3 | Catalina Reyes3 | Karim Abufarhue3 | Danny Fuentes2

1. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 2. Laboratorio de Microbiología Veterinaria, Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile; 3. Ilustre Municipalidad de Talcahuano, Dirección de Medio Ambiente, Talcahuano, Chile.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Ponente: Lucila Moreno Salas, lumoreno@udec.cl

Entre las bacterias resistentes a los antimicrobianos, los Enterobacterales productores de Beta-lactamasas de espectro extendido (E-BLEE) son una de las mayores amenazas a la salud humana y animal. La fauna silvestre urbana puede tener un rol importante como reservorio y/o vector de E-BLEE dentro de las ciudades o hacia áreas alejadas de las zonas urbanas. *Rattus norvegicus* es uno de los roedores sinantrópicos más abundantes en las áreas urbanas y periurbanas, capaz de ocupar una amplia variedad de ambientes naturales. Comprender su rol como vector/reservorio de E-BLEE es fundamental para entender su diseminación. Con el objetivo de evaluar la presencia de E-BLEE se analizaron 5 hisopados rectales obtenidos de *R. norvegicus* capturados en Talcahuano, los cuales fueron cultivados en agar MacConkey suplementado con ceftriaxona (2ug/mL). Los cultivos positivos fueron sometidos a pruebas de susceptibilidad antimicrobiana usando antibióticos de uso humano y veterinario, finalmente, la producción de BLEE fue confirmada mediante la técnica de sinergismo de doble disco. Cuatro muestras fueron positivas e identificadas como *Escherichia coli* productoras de BLEE. Uno de los aislados presentó un perfil de multirresistencia a enrofloxacino, ceftiofur, ceftriaxona, gentamicina y sulfa+trimetropin, mientras que en otros tres se observó resistencia a ceftiofur y cetriaxona. De acuerdo a estos resultados preliminares, *R. norvegicus* podría actuar como un reservorio y diseminador de E-BLEE, esto cobra mayor relevancia debido a que estas ratas fueron capturados en una zona urbana con una alta densidad de habitantes, y que es atravesada por un cuerpo de agua que alberga otros roedores silvestres y aves acuáticas, los que podrían actuar también como potenciales diseminadores de estas bacterias hacia zonas más alejadas, llevando incluso estas bacterias de importancia clínica a lugares no frecuentados por el humano. R. norvegicus podría ser utilizado como un centinela de la contaminación ambiental con E-BLEE de origen antrópico.

Ectoparásitos presentes en tres especies de murciélagos de Chile: un análisis desde un enfoque biogeográfico y ecológico

Dante Lobos1 | Angel Herrera-Mares2 | Ali Z. Lira-Olguin3 | Juan Luis Allendes4 | Annia Rodríguez-San Pedro5 | Lucila Moreno- Salas6 | María Carolina Silva-de la Fuente7

1. Ecology and Evolution of Infectious Diseases Lab, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile; 2. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 3. Department of Ecology and Conservation Biology, Texas A&M University; 4. Programa para la Conservación de los Murciélagos de Chile (PCMCh); 5. Investigación e Innovación para el Cambio Climático (CiiCC), Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás, Santiago, Chile; 6. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 7. Departamento de Ciencias Agrarias y Forestales, Facultad de Ciencias Agrarias, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Católica del Maule, Los Niches, Chile.

Ponente: Dante Lobos, dantelobos18@outlook.es

Dentro de los mamíferos, Chiroptera alberga una gran diversidad de artrópodos ectoparásitos debido a su alta movilidad, amplio rango de distribución y comportamiento social gregario. En Chile, 15 especies de murciélagos han sido reportadas. Sin embargo, solo 12 taxones de artrópodos asociados han sido registrados en el país. Nuestro objetivo fue identificar taxonómicamente los ectoparásitos presentes en tres especies de murciélagos. Durante el año 2021, se capturaron murciélagos utilizando redes niebla (Phyllostomidae: Desmodus rotundus, n=10; Vespertilionidae: Myotis chiloensis, n=30 e Histiotus magellanicus, n=4) en tres eco-regiones chilenas: Desierto de Atacama, Matorral Chileno y Bosque templado lluvioso valdiviano. Solo M. chiloensis fue capturado en las tres eco-regiones. Cada ejemplar fue examinado durante un intervalo de 15 minutos para la colecta de ectoparásitos, los cuales fueron

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

depositados en viales con etanol al 95%. Los murciélagos fueron liberados en el mismo sitio de captura. Algunos artrópodos fueron fijados y otros visualizados mediante microscopía electrónica de barrido y determinados siguiendo claves especializadas para cada taxón. Se registró un total de 142 artrópodos ectoparásitos, pertenecientes a siete taxones: Trichobius aff. parasiticus (Diptera: Streblidae) (Prevalencia (%) = 13.6); Basilia sp. grupo ferruginea (Diptera: Nycteribiidae) (%= 25), Macronyssus sp. (Acari: Macronyssidae) (%= 6.8), Spinturnix sp. (Acari: Spinturnicidae) (%=6.8), Ornithodoros sp. (Acari: Argasidae) (%= 6.8) Colicus sinpretarsus (Acari: Trombiculidae) (%= 2.3) y Myodopsylla isidori (Siphonaptera: Ischnopsyllidae) (%= 2.3). Las eco-regiones presentaron diferentes taxones de hospederos y ectoparásitos. En Atacama, todos los Desmodus rotundus infestados fueron machos, mientras que los hospederos infestados en el Matorral Chileno y el Bosque templado lluvioso valdiviano fueron hembras. Nuestro estudio describe por primera vez las infracomunidades de ectoparásitos de murciélagos en diferentes eco-regiones de Chile. Investigaciones a futuro en esta área permitirán realizar nuevos registros de taxones, así como la descripción de nuevas especies de ectoparásitos asociados a quirópteros de Chile en diferentes latitudes.

Parásitos metazoos de la bandurria *Theristicus melanopis* (Pelecaniformes: Threskiornithidae) en la región de Los Ríos, Chile

Lucila Moreno Salas1 | Pablo Oyarzún-Ruiz2 | Camilo H. Salazar-Silva1 | Ricardo Rodríguez3 | L. Gonzalo Torres1 | Armando Cicchino4 | Sergey Mironov 5

1. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 2. Laboratorio de Enfermedades y Parásitos de Fauna silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile; 3. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia; 4. Laboratorio de Artrópodos, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Mar del Plata, Mar del Plata, Argentina; 5. Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, Universitetskaya Quay 1, Saint Petersburg, Russia.

Ponente: Lucila Moreno Salas, lumoreno@udec.cl

La bandurria *Theristicus melanopis* (Gmelin, 1789) se distribuye en Perú, Argentina y Chile. Habita diversos hábitats como bosques, tierras agrícolas y ciudades. Su dieta consiste principalmente de invertebrados como artrópodos y moluscos, además de roedores y herpetofauna. A pesar de su amplia distribución en el Neotrópico, el conocimiento respecto a sus parásitos metazoos se limita a solo algunos registros. Es así como el objetivo principal de este trabajo es reportar nuevos registros para la fauna parasitaria interna como externa de esta especie, entregando datos inéditos sobre interacciones hospedero-parásito. Entre 2011-2015 se realizó la necropsia parasitaria de un total de 74 especímenes provenientes de diversas localidades de la región de Los Ríos, Chile. Se colectaron un total de cinco especies de ectoparásitos (cuatro especies de piojos y una especie de ácaro plumícola) y seis especies de helmintos (dos nematodos, un cestodo, dos digeneos y un acantocéfalo). Se identificaron los piojos *Colpocephalum trispinum* (P=20,3%), *Plegadiphilus mamillatus* (P=9,5%), *Ardeicola melanopis* (P=13,5%) e *Ibidoecus fissisignatus* (P=4,1%), además del ácaro plumícola *Diodochaetus (Dicranogonus) melanopis* (P=17,6%). En el caso de los helmintos se identificaron *Porrocaecum heteropterum* (P=55,4%) y *Baruscapillaria obsignata* (24,3%), el cestodo *Eugonodaeum nasuta* (P=20,3%), los trematodos *Echinoparyphium cf. recurvatum* (P=1,4%) y *Strigea bulbosa* (P=6,7%), y el acantocéfalo *Sphaerirostris* sp. (P=1,4%). Los siguientes parásitos representan nuevas asociaciones hospedero-parásito a nivel Sudamericano: *P. mamillatus, I. fissisignatus, D. (Dicranogonus) melanopis, B. obsignata, E. recurvatum, S. bulbosa,* y *Sphaerirostris* sp. Además, los ectoparásitos *P. mamillatus, I. fissisignatus, D. (Dicranogonus) melanopis*, y los helmintos *E. nasuta, S. bulbosa,* y *Sphaerirostris* sp. se registran por primera vez en Chile. Los hallazgos aquí mencionados aportan nuevos registros a la diversidad parasitaria del país y el Neotrópico, sugiriendo así la importancia de una constante

investigación parasitológica en especies silvestres que hasta ahora no han sido abordadas de forma sistemática.

¿La perturbación antrópica afecta a las comunidades de parásitos?: Evaluación de las comunidades de pulgas de Abrothrix olivacea en un paisaje altamente perturbado de la zona central de Chile.

Lucila Moreno Salas1 | Javiera Cuevas1 | Carlos Landaeta Aqueveque2 | Javier A. Simonetti3 | André Víctor Rubio4 | Joseline Veloso-Frías5

1. Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile; 2. Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Veterinarias, Departamento de Patología y Medicina Preventiva; 3. Universidad de Chile, Facultad de Ciencias, Departamento de Ciencias Ecológicas; 4. Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Departamento de Ciencias Biológicas Animales; 5. Universidad Austral, Facultad de Ciencias, Instituto de Ciencias Ambientales y Evolutivas.

Ponente: Lucila Moreno Salas, lumoreno@udec.cl

Las perturbaciones antropogénicas, como el cambio en el uso de suelo, aceleran la pérdida de hábitat, llevando a estrés y declive en el número de especies. Sin embargo, pocos estudios han evaluado esto en poblaciones y comunidades parasitarias. El objetivo de este estudio fue evaluar la asociación entre el tipo de hábitat, estación del año, sexo y condición corporal del hospedador con la presencia de pulgas en *Abrothrix olivacea* en el bosque maulino y plantaciones forestales aledañas. Se estudiaron 504 ejemplares de *A. olivacea* obtenidos desde cuatro hábitats: 1) bosque nativo (Reserva Nacional Los Queules) (BN), 2) plantación de pino adulto (PA), 3) plantación de pino juvenil con abundante sotobosque (JAS) y 4) plantación de pino juvenil con escaso sotobosque (JES). La asociación entre los factores mencionados y la presencia de pulgas fue evaluada por especie de pulga mediante regresiones logísticas multifactoriales. Se recolectaron 560 pulgas de 11 especies. La especie con mayor prevalencia fue Tetrapsyllus tantillus (35%), ausente solo en BN. La prevalencia total de pulgas y riqueza específica fue similar entre hábitats sin observarse diferencias significativas (PA: P=56,6%, R=8; JAS: P=51,7%, R=9; BN: P=50%, R=5; JES: P=38,7%, R=7). La presencia de tres especies se asoció a BN, dos a PA y una a JAS. Sólo T. tantillus presentó una asociación positiva y significativa con la condición corporal y sexo (macho). Sphinctopsylla ares fue más frecuentes en hembras. En cinco especies se observó efecto de la estación, en cuatro de éstas la frecuencia de presentación fue mayor en las estaciones frías (otoño-invierno) que en las cálidas (primavera-verano). El efecto de las variables evaluadas fue dependiente de la especie de pulga. La movilidad de A. olivacea entre los distintos hábitats sumado al comportamiento generalista de las pulgas produce que el efecto del hábitat no sea tan relevante para estos parásitos.

Diversidad de ácaros Trombidiformes y Mesostigmata asociados con roedores en la región Neártica y Neotropical de México

Angel Herrera-Mares1 | Carmen Guzmán-Cornejo2 | Brenda Aline Maya-Badillo3 | Andrés Mauricio López-Pérez4 | Gerardo Suzán 3

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Laboratorio de Acarología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México; 3. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 4. Department of Medicine and Epidemiology, School of Veterinary Medicine, University of California, Davis, California, United States of America.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Ponente: Angel Herrera-Mares, angelmares@ciencias.unam.mx

Rodentia es el grupo más diverso de mamíferos en el mundo. Tanto ellos como sus ectoparásitos responden ante las perturbaciones antropogénicas. El objetivo de este trabajo es determinar el efecto de la antropización en la diversidad de ectoparásitos. Para ello, realizamos capturas de roedores utilizando trampas Sherman en localidades de los estados mexicanos de Baja California, Campeche, Chihuahua y Sonora. Se categorizaron sitios de acuerdo con su estado de antropización: perturbados, intermedios y conservados. En cada uno de los sitios el esfuerzo de muestreo consistió en dos noches trampas. Cada roedor fue revisado en un intervalo estandarizado de tres a cinco minutos para la búsqueda de ectoparásitos con ayuda de pinzas y pinceles finos. Los artrópodos fueron fijados y conservados en viales con etanol al 96% y montados en preparaciones semipermanentes utilizando líquido de Hoyer. En total se contabilizaron 1368 ácaros provenientes de 1183 huéspedes, representando un porcentaje de infestación del 16.3%. El mayor porcentaje de infestación de huéspedes se encontró en Campeche (57.1%) y el menor en Chihuahua (7.7%). La abundancia del orden Trombidiformes fue mayor en Campeche, representando el 80% de los ejemplares colectados, mientras que el de Mesostigmata fue en Baja California (57.5%). Los resultados por categoría de antropización están pendientes. Los ácaros fueron determinados como pertenecientes a 12 taxones distribuidos en dos órdenes y cinco familias: Mesostigmata: Laelapidae, Haemogamasidae, y Macronyssidae; Trombidiformes: Trombiculidae y Leeuwenhoekiidae. El ácaro Androlaelaps fahrenholzi (Laelapidae) fue el ácaro más distribuido, siendo colectado en los cuatro estados. En el estado de Sonora se colectaron ácaros de la especie *Ornithonyssus bacoti* (Macronyssidae) sobre *Mus musculus*. Esta especie de ácaro ha sido relacionado con la transmisión de algunas enfermedades zoonóticas por lo que es necesario el monitoreo de estas en la zona ya que los ácaros son vistos generalmente como vectores desatendidos.

Estudio de parásitos en lagartos (*Caiman yacare*) en cuenca del río Beni, Bolivia

Jose Luis Mollericona1 | Gustavo Álvarez1 | Robert Wallace1 | Guido Miranda 1

1. Wildlife Conservation Society.

Ponente: Jose Luis Mollericona, jmollericona@wcs.org

En Bolivia, el lagarto (Caiman yacare) es un recurso de gran importancia para los pueblos indígenas que, a su vez, su forma de aprovechamiento aporta y coadyuva en la sostenibilidad del Programa Nacional de Manejo y Conservación del lagarto. Durante los años 2010, 2011, 2017, 2019 y 2021 se recolectaron muestras (heces, parásitos adultos y frotis sanguíneo) en 186 lagartos, durante las cosechas anuales por la Asociación Matusha Aida de la comunidad indígena de Cachichira del Territorio Tacana en la provincia Abel Iturralde del Departamento de La Paz, para conocer los parásitos y establecer criterios de manejo y uso de la especie. Se diagnosticaron once endoparásitos con prevalencias de *Alofia platycephala* 77,96%, *Hepatozoon caimani* 36,02%, *Polyacanthorhynchus rhopalorhynchus* 33,87%, *Sebekia oxycephala* 29,57%, *Eimeria paraguensis* 31%, *Eimeria caimani* 12,4%, *Micropleura vazi* 10,6%, Capillariidae 5,38%, *Dujardinascaris* sp. 2,15%, *Isospora jacarei* 2,15% una especie de trematodo no identificado 4,84%, y un ectoparásito *Amblyomma crassum* 0,54%. La prueba de Kruskal-Wallis mostró una diferencia significativa en las prevalencias parasitarias entre todos los individuos muestreados ($p<0,001$) y entre los individuos recolectados en arroyos ($p<0,001$) y lagunas ($p<0,001$). Además, un análisis de correspondencia de la composición de parásitos reveló que Dujardinascaris sp. presentó una asociación muy estrecha con las lagunas, y los trematodos se asociaron con los arroyos. Se discuten las asociaciones parásito-huésped y el comportamiento de los lagartos. Estos datos muestran la necesidad de abordarlos de manera integral, junto a otros estudios ecológicos del área, esto, a fin de entender las relaciones parásito-hospedero y así aportar en el planteamiento de alternativas de manejo y conserva-

ción de la especie.

Identificación de parásitos sanguíneos y gastrointestinales de chigüiros silvestres de la especie *Hydrochoerus hydrochaeris* en Colombia

Diana Carolina Thomas Rojas1

1. Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

Ponente: Diana Carolina Thomas Rojas, dc.thomas@uniandes.edu.co

El chigüiro (*Hydrochoerus hydrochaeris*), suele ser reconocido como un reservorio de varios agentes patógenos y hospedero de numerosos parásitos, presenta un gran interés económico y, suele compartir hábitat con animales domésticos, principalmente ganadería bovina y equina. Lo que alerta de diferentes problemas sanitarios tanto para la salud de los animales como para los humanos, dado la posibilidad de transmisión parasitaria por suelo, agua, alimentos contaminados o presencia de vectores. Por ende, este estudio busca identificar los principales parásitos que colonizan el tracto gastrointestinal y la sangre de diversas poblaciones de chigüiros silvestres en Colombia. A la fecha, se recolectaron 48 muestras fecales de chigüiros del departamento del Meta y Casanare, a las cuales se les hizo un análisis microscópico basado en técnicas coproparasitológicas de sedimentación y flotación y, por medio de extendidos sanguíneos se hizo evaluación hematológica y parasitaria, adicionalmente, se tomó muestra sanguínea para análisis molecular. Se han encontrado varios agentes patógenos, entre ellos *Trypanosoma* sp., miembros de la superfamilia Trinichinelloidea, Ancylostomatoidae, Trychostrongyloidea y, de la familia Strongyloididae, Eimeriidae, entre otros, además de sospecha de *Plasmodium* sp. Este estudio podría ser el primer registro de parásitos en chigüiros silvestres de Colombia y, aporta información valiosa sobre la biología de este mamífero, además de brindar datos de referencia para futuros estudios en el ámbito veterinario o en función de la conservación y/o monitoreo zoonótico. Ya que, los chigüiros son útiles para comprender mejor las rutas de transmisión de parásitos a humanos y animales domésticos, contribuyendo a su vez a una detección y prevención temprana de eventos de contagio. Además, permite ampliar la información epidemiológica de especies en vida silvestre y evaluar el estado de salud de los individuos en relación con las diversas infecciones parasitarias que puedan tener, permitiendo comprender mejor la biología de la especie.

Caracterización de las comunidades fúngicas de la piel de sapitos de cuatro ojos en una localidad de la zona central de Chile

Francoise Cuadra1 | Pamela Thomson1 | Natashja Haddow1 | Claudio Azat Soto1

1. Centro de Investigación para la Sustentabilidad & Programa de Doctorado en Medicina de la Conservación, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile.

Ponente: Francoise Cuadra, francoise.cuadra@live.cl

El sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul*) es una especie de gran versatilidad ecológica, presente en diferentes ecorregiones de Chile desde Copiapó a Aysén. La piel de anfibios y su microbiota constituyen la primera barrera de defensa física y biológica contra patógenos. Con excepción de estudios enfocados en el hongo *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*) causante de la quitridiomicosis, a la fecha existen pocas investigaciones enfocadas en caracterizar la micobiota de la piel de anfibios. El objetivo de este estudio fue caracterizar los hongos que forman parte de la micobiota de la piel de *P. thaul* y determinar la presencia de *Bd*. Las muestras fueron obtenidas de 10 individuos de *P. thaul* que habitan el estero Puangue, Curacaví (RM). Cada individuo se muestreo con dos hisopos estériles (MW100) pasados 35 veces por la superficie de la piel. Uno se utilizó para la detección de *Bd* a través de PCR a

tiempo real, y el otro para la siembra de los hongos en agar Sabouraud glucosado. Posteriormente, las colonias aisladas fueron identificadas macro y microscópicamente de acuerdo a las claves de clasificación macro y micromorfológicas. La identificación molecular se realizó a partir del ADN extraído con el kit ZymoBIOMICS y se secuenció la región (ITS) de cada aislado. Como resultado, se logró cultivar y aislar 25 hongos que correspondían a 15 morfotipos y se determinó que la comunidad fúngica estaba dominada por miembros del filo Ascomycota, por los géneros Penicillium y Alternaria, coincidiendo con lo encontrado en otros estudios. De los 10 individuos dos resultaron positivos a *Bd*. Este es uno de los primeros estudios sobre la micobiota de la piel de anfibios, conocer e identificar a la micobiota es un primer acercamiento para contribuir con futuras alternativas de probióticos fúngicos como parte de estrategias de mitigación para Bd. Agradecimientos: Proyecto Fondecyt 1211587.

Chlamydia psittaci, _Chlamydia avium_ and Psittacid Herpesvirus in the burrowing parrot (_Cyanoliseus patagonus_) colony of argentine patagonia

Javier A. Origlia1 | Marina Winter2 | Nancy Arias1 | María Cecilia Netri1 | Fernando A. Maydup1 | Sergio D. Abate2

1. Catedra de Patología de Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina; 2. Universidad Nacional de Río Negro, Sede Atlántica. Centro de Investigaciones y Transferencia de Río Negro (UNRN-CONICET). Viedma, Río Negro, Argentina.

Ponente: Javier A. Origlia, javieroriglia@yahoo.com

The Burrowing Parrots (*Cyanoliseus patagonus*) colony at Balneario El Cóndor (Patagonia, Argentina) is the largest colony of Psittaciformes in the world. However, little is known about the pathogens that circulate among them. *Chlamydia* spp. and Psittacid Herpesvirus (PsHVs) have been found in wild and captive parrots and C. psittaci is considered endemic in many wild bird populations. So, the aim of this study was to detect the presence of *Chlamydia* spp. and PsHVs in Burrowing Parrots within the context of a mass mortality event between December 2020 and February 2021. Sixteen parrots were collected: 11 adults and 5 youngs. A necropsy was performed on each. Samples were taken for histopathology and trimucosal swabs for molecular studies. Detection of *Chlamydia* spp. was performed with a qPCR (23S rRNA). The positive samples were rechecked with two qPCR specific for *Chlamydia psittaci* (ompA) and *Chlamydia avium* (incA). Also, an endpoint PCR (ompA) were performed. For the detection of PsHVs a specific qPCR (UL16) and a semi-nested PCR (UL17/16) were performed. *Chlamydia* and PsHVs positive samples were sequenced. Five Burrowing Parrots were positive for Chlamydiaceae: four *C. psittaci* and one *C. avium*. One of the positive samples for *C. psittaci* was sequenced and characterized as genotype B. Six Burrowing Parrots were PsHVs positive, two characterized as PsHVs 1. Also, histological lesions compatible with PsHVs were observed in six Burrowing Parrots. *C. psittaci* and PsHVs have been identified as significant pathogens of parrots with possible negative impact on bird conservation, production and public health. These results report for the first time the presence of chlamydial agents and PsHVs in Burrowing Parrots from the largest colony in the world. Molecular studies on the organs and on more Burrowing Parrots will allow us to determine the role of the pathogens in the mortality event.

Posición filogenética y pesquisa de _Bartonella_ sp. en Lipoptena pudui (Diptera: Hippoboscidae), una mosca parásita de _Pudu puda_ (Theria: Cervidae)

Catalina Parragué-Migone1 | Adriana Santodomingo1 | Richard Thomas1 | Javier Cabello2 | Ezequiel Hidalgo3 | Sebastián Muñoz-Leal1

1. Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad

de Concepción, Chillán, Chile; 2. Centro de Conservación de la Biodiversidad, Chiloé-Silvestre, Ancud, Chiloé, Chile; 3. Fundación Buin Zoo, Buin, Chile.

Ponente: Catalina Parragué-Migone, cparraguemigone@gmail.com

Las moscas de la familia Hippoboscidae son parásitos hematófagos asociados a aves y mamíferos. Además, son consideradas vectores de bacterias intracelulares del género *Bartonella*. En particular, el género *Lipoptena* posee 32 especies, todas parásitas de ciervos; seis de éstas están presentes en América. Las moscas de este género nacen con alas; sin embargo, las pierden poco después de colonizar su hospedador debido al roce con el pelaje, quedando sólo un vestigio de éstas sobre el tórax. *Lipoptena pudui* fue descrita en 1970 mediante especímenes recolectados de *Pudu puda* (pudú) en Chile central y hasta la fecha, no existen más registros de ésta. El objetivo de este estudio consistió en caracterizar genéticamente a *L. pudui* y pesquisar ADN de *Bartonella* sp. en este parásito hematófago. En abril de 2020, se recolectaron tres moscas parásitas en *P. puda* de Chiloé. Los tres especímenes fueron observados mediante microscopía óptica y se utilizaron claves dicotómicas para su identificación. Un espécimen fue preparado en medio de Hoyer para fotografiar caracteres morfológicos de valor taxonómico. Posteriormente, se extrajo ADN a un segundo ejemplar y se realizó una PCR convencional dirigida al gen mitocondrial citocromo c oxidasa I (COI) y al gen gltA para detectar Bartonella sp. El tercer ejemplar fue conservado como voucher en etanol (70%). Los tres especímenes se identificaron morfológicamente como *L. pudui*. Adicionalmente, se obtuvieron secuencias para COI y se construyó una filogenia (máxima verosimilitud) con 10 secuencias congenéricas que posicionó a *L. pudui* junto con Lipoptena mazamae, una mosca ampliamente distribuida en América. La distancia genética entre estos dos dípteros fue significativa y los separó en dos especies evidentes. No se detectó ADN de Bartonella en *L. pudui*. Esta investigación identifica genéticamente a L. pudui por primera vez y confirma un grupo monofilético americano para las moscas de este género.

Análisis de la contribución de América Latina y el Caribe en la revista Journal of Wildlife Diseases

María Rosario Cerda1 | Felipe Hernández2 | Cristóbal Briceño3 | André Rubio1

1. Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 3. Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

Ponente: María Rosario Cerda, maria.cerda.h@ug.uchile.cl

América Latina y el Caribe (ALC) albergan una rica biodiversidad, la cual se enfrenta a diversas amenazas, incluyendo las enfermedades infecciosas y no infecciosas. Muchas zonas de ALC se consideran también hotspots de enfermedades zoonóticas. Por lo cual, esta región tiene gran relevancia para la investigación de fauna silvestre y sus patógenos. En este estudio realizamos un análisis bibliométrico de las publicaciones de ALC en la revista Journal of Wildlife Diseases entre los años 1967-2020, con el objetivo de describir la productividad científica, analizar tendencias de las temáticas de investigación, caracterizar redes de colaboración, e identificar el origen del financiamiento. Se identificaron 283 publicaciones, analizadas de manera sistemática y utilizando los softwares bibliométricos SciMAT y VosViewer. El número de publicaciones ha aumentado de forma considerable en la última década (61% del total de publicaciones de ALC). Además, 21 países de la región han contribuido dentro de esta revista, donde Brasil, México, Argentina y Chile concentran el 67% de las publicaciones. La investigación se ha centrado principalmente en el estudio de virus y bacterias, con particular énfasis en pequeños mamíferos (38% de las especies estudiadas). Con respecto a la colaboración entre países, los análisis de redes identi-

ficaron una baja coautoría de los artículos entre investigadores/as de distintos países de ALC, siendo la colaboración más frecuente con un país fuera de la región, como Estados Unidos. Finalmente, se encontró una alta heterogeneidad de las fuentes de financiamiento, donde hay países con un alto porcentaje de financiamiento nacional (México 63%) y otros con mayor financiamiento internacional (Costa Rica 58%). Estos resultados indican que la investigación sobre temáticas relacionadas a la salud de fauna silvestre en ALC está aumentando de manera importante, pero los esfuerzos de colaboración entre países de la región deberían incrementarse para abordar desafíos y proponer soluciones futuras en dicho ámbito..

Inmovilización de zorros chilla (*Lycalopex griseus*) y culpeo (*Lycalopex culpaeus*) en estado silvestre con la asociación Ketamina-Dexmedetomidina y revertidos con Atipamezol

Claudio Ahumada Sanhueza1 | Felipe Hernández Muñoz1 | Gerardo Acosta Jamett1

1. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Center for Diseases Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.

Ponente: Claudio Ahumada Sanhueza, claudio.ahumada@alumnos.uach.cl

La captura e inmovilización de animales silvestres es fundamental para estudios y/o manejos de especies como los carnívoros. El objetivo fue evaluar un protocolo de inmovilización química en dos especies de zorros de vida libre en el marco de estudios epidemiológicos. Se capturaron 44 zorros chilla (*Lycalopex griseus*) y 70 zorros culpeo (*Lycalopex culpaeus*) en la región de Coquimbo, Chile. Se utilizó una asociación de ketamina-dexmedetomidina y se revirtió utilizando dos razones de dosis de atipamezol:dexmedetomidina, empleando una razón alta (10:1) y baja (5:1). Se midieron (minutos) el tiempo de inducción (3,90±0,26 y 6,03±0,38), tiempo procedimiento (31,02±1,63 y 28,47±0,92), periodo latencia a razón alta (9,54±2,48 y 5,41±0,59) y baja (247,95±12,14 y 246,48±7,12), tiempo recuperación (14,24±2,20 y 9,16±0,89) y duración total inmovilización (43,50±2,23 y 31,10±0,96) en chilla y culpeo, respectivamente. Se evaluaron temperatura (T°), frecuencias cardiacas (FC) y respiratoria (FR) y saturación de oxígeno (SpO2). Se utilizaron modelos mixtos para evaluar parámetros fisiológicos y t de Student para comparar PL entre razones de atipamezol. Se administraron 2,79±0,09 y 2,73±0,07 mg/kg de ketamina, 55,10±1,90 y 54,16±1,48 ug/kg de dexmedetomidina y 596,61±25,05 y 573,16±21,28 ug/kg de razón alta y 247,95±12,14 y 246,48±7,12 ug/kg de razón baja de atipamezol, en=u zorros chilla y culpeo, respectivamente. T° y FC disminuyeron (38,71-37,85°C y 38,92-38,22°C, y 105-90 LPM y 112-95 LPM en chilla y culpeo, respectivamente), FR disminuyó en chilla (28-26 CPM) y SpO2 permaneció en valores esperables (>90%). No existieron diferencias significativas (P<0,05) en PL frente a ambas razones de atipamezol. Las dosis administradas para inmovilizar químicamente ambas especies fueron seguras y efectivas. La reversión fue efectiva y los animales tuvieron una recuperación rápida, tranquila, suave y completa. Los estudios in situ en cánidos utilizando ketamina-dexmedetomidina son escasos, no obstante, reportan eficiencia, similitudes y leves diferencias en sus resultados versus esta investigación.

Detección de Circovirus en aves y roedores silvestres de la zona central de Chile

Constanza Urzúa Encina1 | Belen Agüero1-2 | Victor Neira1

1. Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 2. Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Constanza Urzúa Encina, constanza.urzua23@gmail.com

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

En la actualidad se reporta que la mayoría de las enfermedades infecciosas humanas son zoonóticas, con patógenos que se originan en fauna silvestre. A pesar de ello, nuestro conocimiento sobre la circulación viral en vida silvestre es aún muy limitado. Las aves silvestres tienen un rol preponderante en la transmisión y propagación de virus como influenza, enfermedad de Newcastle, entre otros. Por otro lado, el orden Rodentia representa alrededor del 43% del total de especies de mamíferos, con un rol fundamental dentro de los ecosistemas terrestres y actuando como reservorio de diversos microorganismos. Destacando la escasa investigación sobre virus asociados a estos reservorios. En los últimos veinte años se han descrito especies emergentes del género *Circovirus* que afectan a diversas especies animales, generando enfermedades potencialmente letales, cuya vigilancia es necesaria para evaluar los riesgos de propagación, posibles zoonosis y evitar impactos ecológicos y económicos como ha sucedido con otros virus zoonóticos emergentes. En el presente trabajo se buscó la presencia de *Circovirus* en muestras fecales de roedores y aves silvestres en la zona central de Chile, mantenidas en tarjetas FTA a temperatura ambiente, mediante PCR anidado, utilizando partidores degenerados para el género *Circovirus* y secuenciación de Sanger para realizar análisis filogenético. Se detectó la presencia de una secuencia asociada a *Circovirus* en *Oligoryzomys longicaudatus* en la región del Maule, filogenéticamente cercano a *Circovirus* 1, 2 y 3 previamente reportados en China, pero con una identidad inferior al 65%, sugiriendo la detección de una nueva especie de Circovirus asociado a este roedor endémico de Chile y Argentina. Futuras investigaciones son necesarias para la confirmación de este hallazgo, que podría implicar la aparición de una enfermedad viral emergente con potencial aún desconocido.

Chionis albus **como centinela de diversidad viral en Antártica**

Michelle Denisse Villacis Bravo1 | Gabriel Zamora1 | Johana Loncopan1 | Loreto Araos1 | Francisco Verdugo1 | Lucas Kruger2 | Cecilia Rojas3 | Aldo Gaggero3 | Gonzalo P. Barriga1

1. Laboratorio de Virus Emergentes, Programa de Virología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile; 2. Instituto Antártico Chileno, Plaza Muñoz Gamero, 1055 Punta Arenas, Chile; 3. Laboratorio de Virus Ambientales, Programa de Virología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Ponente: Michelle Denisse Villacis Bravo, michelle.villacisb@gmail.com

La paloma antártica (*Chionis albus*) es un ave migratoria del continente Antártico con hábitos carroñeros que, en conjunto con las características extremas de su hábitat de nidificación, la convierten en una potencial especie centinela de los patógenos que se encuentran en el continente blanco. Esta ave se caracteriza por ser un depredador oportunista, alimentándose principalmente de placentas y carcasas, pero además consume peces, moluscos, huevos, algas, heces, crías de aves, inclusive las propias. Esta cualidad la vuelve un excelente centinela de patógenos; para demostrar esto se recolectaron 229 muestras de heces de distintas especies entre los años 2020 y 2022 desde Isla Isabel Riquelme e isla Nelson (Antártica), a las que se les realizó una detección y aislamiento viral para Coronavirus (COV), Paramixovirus (PMX) y virus de influenza A; por último, se obtuvo el viroma completo de C. albus utilizando secuenciación masiva. Además, se recolectaron sueros de 14 ejemplares de esta ave para detectar anticuerpos. Los resultados indicaron presencia de COV en 13 pooles, de los cuales 4 correspondían a muestras de *C. albus*; y se detectó PMX en 18 pooles, de los cuales 7 correspondían a muestras de *C. albus*, siendo el primer reporte de estos virus en estos ejemplares. No se detectó influenza A a través de RT-PCR, sin embargo, se detectó anticuerpos en el suero de 2 ejemplares. Esto muestra una presencia de PMX y de COV en la península e islas Shetland del Sur, sugiriendo la importancia de vigilar carroñeros como potenciales centinelas del territorio antártico para una mayor comprensión de la diversidad de patógenos o virus que afectan a la avifauna antártica y así desarrollar métodos preventivos ante posibles zoonosis. Fondecyt n° 1161224 y 1191769.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Increase in opportunistic pathogenic bacteria during a critical stage (fattening) of the annual cycle of a long-distance migratory birdl

Jonathan Vergara Amado1,2,3 | Juan G. Navedo3 | Claudio Verdugo1

1.- Ecology and Evolution of Infectious Diseases Lab, Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 2.- Programa de Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 3.- Bird Ecology Lab, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Jonathan Vergara, jonyqua@gmail.com

The annual cycle of a long-distance migratory bird includes different activities characterized by various physiological changes and demanding energy requirements. Migrants must perfectly balance their metabolism during physiologically contrasting stages (e.g., flight, pre-migratory fattening) of their annual cycle to fulfill this task. One of the key components in the regulation of physiological processes in any animal is their gut microbiota, since they provide metabolites that are used in different metabolic pathways within the host. However, to date there is still scarce literature showing the interaction between a long-distance migration and gut microbiota. We explored the composition and general functional profiles of the gut microbiota in Hudsonian godwit (Limosa haemastica), a shorebird that makes one of the longest transhemispheric migrations, through metabarcoding sequencing. Eight adult individuals were kept in captivity (AustralAvex, UACh) during two physiologically contrasting stages (maintenance and fattening) of the non-breeding season. DNA from fecal samples of each period were extracted and sequenced. Captive conditions allowed us to control variables (e.g., diet, water, temperature) that in nature are potent modulators of the gut microbiota. Our results reveal a significant effect of stages on alpha and beta diversity, specifically during the fattening period where phylogenetic diversity increases and community composition changes compared to maintenance. Also, some functional categories change significantly between the different stages, mainly increasing those related to amino acid metabolism during the fattening stage. Notably, within the main compositional changes, there is a considerable increase during fattening of two genera of bacteria known in the literature to be opportunistic pathogens, Psychrobacter and Corynebacterium. Therefore, the question remains whether these types of bacterial genera mentioned have antagonistic or beneficial functions in a critical stage of a long-distance migratory bird. Fondecyt N° 1191769, 1161224. ANID scholarship N° 21180753.

Identificación de especies de aves costeras del orden Charadriiformes portadoras del Virus Influenza Aviar

Maria Antonieta Gonzalez1 | Cecilia Baumberger1 | Pablo Galdames1 | Victor Marambio1 | Camila Rojas1 | Cristobal Oyarzun1 | Pedro Jimenez1-2

1. Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 2. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

Ponente: Maria Antonieta Gonzalez, antonietaglz@gmail.com

Los reservorios naturales de la Influenza Aviar (VIA) corresponden las aves acuáticas, principalmente aquellas del orden Charadriiformes y Anseriformes. Chile recibe 42 especies migratorias caradriformes, sin embargo, de las 69 identificadas a nivel global como portadoras de VIA, únicamente se han identificado 11 especies portadoras del virus en Chile. El objetivo de este estudio es identificar nuevas especies de aves costeras portadoras del virus, ya que la información es escasa en Sudamérica.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

La toma de muestra para la detección de VIA se realizó desde muestras de heces ambientales en 8 humedales costeros de Chile entre enero 2020 y diciembre de 2021. De 5567 muestras analizadas por RT-qPCR para la detección de VIA, 174 dieron positivas al patógeno, arrojando una prevalencia de 3,1%. Para la identificación de las especies portadoras, se utilizó la metodología de secuenciación del citocromo C oxidasa I. Las especies fueron asignadas usando las bases de datos BOLD y BLAST. Del total de muestras positivas a VIA y secuenciadas hasta la fecha (69), 74% (51/69) corresponde a la gaviota dominicana (*Larus dominicanus*) en segundo lugar, con un 10% (7/69) la gaviota cáhuil (*Chroicocephalus maculipennis*). Las demás muestras (11/69) corresponden a aves el orden Anseriforme y Phoenicopteriformes, incluyendo pato jergón grande (*Anas georgica*), pato juarjual (*Lophonetta specularioides*) pato colorado (*Spatula cyanoptera*) y flamenco chileno (*Phoenicopterus chilensis*). Este estudio sugiere que la especie caradriforme más común como hospedera del VIA es también la con mayor abundancia y más amplia distribución tanto en Chile como en Sudamérica: *Larus dominicanus*. Esta especie residente destaca por tener una población en expansión hacia el hemisferio norte. Además, esta gaviota está estrechamente relacionada con las actividades humanas (pesca, basurales, etc.), por lo que representa un potencial factor de riesgo para zoonosis y también para dispersión del virus a otros grupos de animales y aves.

Detecção molecular do Virus da Febre do Nilo em aves silvestres do Brasil

Laura Morais Nascimento Silva1 | Sheyling Marie Alvarado Chía2 | Luisa Bittencourt de Lima Yamamoto2 | Larissa Mayumi Bueno2 | Maria Vitória dos Santos de Moraes1 | Julia Cristina Benassi2 | Guilherme Pereira Scagion3 | Bruna Larotonda Telezynski3 | Irineu Noberto Cunha4 | Amanda de Oliveira Viana3 | Ramiro Melinski4 | Igor Ferreira de Alvarenga4 | Gabriel Lins Leitão4 | Roberta Costa Rodrigues5 | Iolanda Maria da Silva Pereira5 | Lilia D'ark Nunes dos Santos5 | Alessandra Greatti6 | Erika Hingst-Zaher4 | Severino Mendes de Azevedo Junior5 | Wallace Rodrigues Telino Junior5 | Tatiana Ometto3 | Jansen de Araujo3 | Clarice Weis Arns6 | Helena Lage Ferreira1 | Edison Luiz Durigon3

1. Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ), Universidade de São Paulo (USP); 2. Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA), Universidade de São Paulo (USP)M; 3. Instituto de Ciências Biomédicas (ICB), Universidade de São Paulo (USP); 4. Museu Biológico, Instituto Butantan; 5. Departamento de Biologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE); 6. Departamento de Genética, Evolução e Bioagentes, Instituto de Biologia, Universidade de Campinas (UNICAMP).

Ponente: Sheyling Marie Alvarado Chía, sheylingalvarado@usp.br

A Febre do Nilo Ocidental (FNO) é uma arbovirose zoonótica oriunda da infecção pelo Vírus do Nilo Ocidental (VNO) causadora de quadros febris e neurológicos em humanos. Até 2020, dez casos humanos surgiram no Piauí, desde a primeira detecção em animais domésticos em 2009 e em humanos em 2014. Diversas ordens de aves silvestres servem como amplificadoras do vírus, portanto, u objetivo deste trabalho foi detectar o VNO em amostras de aves silvestres das regiões Norte e Nordeste do Brasil. Foram analisadas 193 amostras (tecidos de rins e baços, n=43, e suabes, n=150) de 187 aves, obtidas mediante ações de vigilância ativa pelo Projeto PREVIR nas cidades de Santana do Araguaia (PA) e Aliança (PE) entre novembro de 2020 e julho de 2022. A detecção foi realizada através de RT-PCR previamente descrita com adaptações para o gene da nucleoproteína. As aves pertenciam às ordens Passeriformes (81,9%), Columbiformes (7,3%), Psittaciformes (4,1%), Gruiformes (3,6%), Falconiformes (1,6%), Strigiformes, Tinamiformes e Piciformes (0,5% cada), compreendendo 72 espécies. Amostras dos rins de três aves de Santana do Araguaia (PA) amplificaram o fragmento alvo, pertencentes às espécies *Crypturellus parvirostris*, *Glaucidium brasilianum* e *Tityra cayana* das ordens Tinamiformes, Strigiformes e Passeriformes, respectivamente. As amostras foram encaminhadas para sequenciamento gênico, visando confirmação do resultado. Este é o primeiro relato sugerindo a circulação do VNO no Estado do Pará. O estudo buscou contribuir com dados científicos

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

à mitigação da deficiência de informação a respeito da circulação do vírus no Brasil. Esforços de vigilância ativa em zonas consideradas propícias para a circulação são uma ferramenta útil para monitorar a dispersão da doença e alertar para a tomada de providências aos organismos de saúde correspondentes.

Uso de datos de biodiversidad para estudios de enfermedades infecciosas: una visión desde Latinoamérica

Francisca Astorga1

1. Universidad Mayor.

Ponente: Francisca Astorga, fran.astorga.vet@gmail.com

La mayoría de las enfermedades infecciosas emergentes son zoonóticas e involucran especies silvestres, relevando la relación entre salud humana y animal. Algunas enfermedades, además, son consideradas una amenaza para la conservación. Existen diversas metodologías para comprender las dinámicas de estas enfermedades, muchas basadas en información de distribución de especies huéspedes, vectores, y patógenos. A pesar del emergente uso de datos de biodiversidad (ocurrencias) se desconoce cómo contribuyen para estudios en salud. El objetivo de este estudio es caracterizar cómo y para qué autores Latinoamericanos utilizan datos de biodiversidad en estudios de enfermedades infecciosas (EI) que involucren especies silvestres y vectores, identificando limitaciones y desafíos. Para esto se obtuvieron estudios con autorías Latinoamericanas asociados a EI que utilizaran datos de biodiversidad, basándonos en el Global Biodiversity Information Facility (GBIF) como repositorio de referencia, y se realizó un análisis bibliométrico y caracterización de sus contenidos. Se encontraron 38 estudios, que incluyeron 13 enfermedades, todas zoonóticas exceptuando *Batrachochytrium dendrobatidis*, la cual afecta a anfibios. Las autorías tendieron a darse en colaboración internacional, donde la mitad de los autores fueron de Latinoamérica. Las revistas y afiliaciones presentaron integración entre disciplinas. GBIF fue utilizado especialmente para especies vector, seguido por huéspedes y reservorios, tales como roedores y primates silvestres. Las principales temáticas fueron predicciones de riesgo, distribución de especies, interacciones ecológicas, y cambio climático. Se concluye que en Latinoamérica los datos de biodiversidad son utilizados para estudios de EI, aunque aún restringidos a un bajo número de países, enfermedades y especies, con escaso uso para estudios de EI en fauna silvestre. Los estudios tienden a desarrollarse en colaboración entre instituciones de salud, ecología y academia. Los datos de biodiversidad de acceso libre contribuyen al estudio de EI, posicionándose como un recurso con aproximación de Una Salud, y su uso deberían ser promovido en distintas disciplinas.

Detección de Parvovirus y Adenovirus en dos colonias de lobo marino común (*Otaria byronia*)

Alexis Ávila1 | Irene Peña1-2 | Úrsula Echeverría3 | Liena Bravo3 | Sofía Navarrete4 | Luis Patricio Soto5 | Frederick Toro6 | Galaxia Cortés-Hinojosa2 |

1. Facultad de ciencias de la vida, Universidad Andrés Bello.; 2. Escuela de Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica de Chile; 3. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile; 4. Facultad de Ciencias Veterinaria y Pecuaria, Universidad de Chile; 5. Biology Department, University of Florida.; 6. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás. ONG, Panthalassa, Red de Estudios de vertebrados marinos de Chile.

Ponente: Irene Peña, ire4050@gmail.com

Los ecosistemas se han visto enfrentados a una crisis de salud como consecuencia de actividades antropogénicas, lo cual, ha llevado a un incremento en la transferencia

de enfermedades entre la fauna doméstica y silvestre, evidenciando así una creciente necesidad de lograr comprender las dinámicas de transmisión de los patógenos y sus potenciales consecuencias para la salud del ser humano, la fauna silvestre y el medio ambiente. Parvovirus canino (CPV-2) y adenovirus canino (CAdV-1) son patógenos de cánido doméstico que causan enfermedades en diversas especies silvestres. En leones marinos comunes (*Otaria byronia*, LMC), se han detectado anticuerpos contra CPV-2 y se han identificado diferentes adenovirus. En Cobquecura, existe una colonia de león marino común a unos 50 metros de la playa, donde los cachorros varan y existe una constante interacción con carnívoros domésticos. Por otro lado, en Punta de Choros, la colonia es aislada y con mínimo contacto con carnívoros domésticos. Con estos antecedentes se decidió realizar un estudio piloto durante el verano de 2022, para determinar la presencia de parvovirus y adenovirus. Utilizamos un test de antígenos de diagnóstico rápido (WITNESSTM, Zoetis) en 7 muestras de fecas de lobos marinos de Cobquecura y en 10 muestras de Punta de Choros. Adicionalmente como parte del estudio, se realizaron hisopados rectales de 45 crías de LMC en Cobquecura y 10 en Punta de Choros para la detección y caracterización de los virus mediante técnicas moleculares. En el caso de parvovirus se están usando dos estrategias de detección, mediante un PCR anidado y otra usando un PCR convencional y en el caso de adenovirus, mediante un PCR anidado. Como resultados preliminares, tenemos que dos muestras de Cobquecura fueron positivas al test de diagnóstico rápido. Los análisis moleculares para confirmar la presencia de parvovirus y evaluar la presencia de adenovirus se encuentran en desarrollo.

Detección de potenciales interacciones entre vertebrados y virus detectados en patos silvestres de México

Daniela Heredia-Tolumes1-2 | Gary García-Espinosa2 | Oscar Rico-Chávez1-2

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud; 2. FMVZ, UNAM.

Ponente: Oscar Rico-Chávez, orichvet@gmail.com

Los virus por si solos representan probablemente una de las fuentes más abundantes de diversidad genética del planeta y a pesar de los importantes avances en su estudio, nuestro conocimiento del intercambio de virus y su propagación a través de hospederos sigue siendo limitado. El análisis de redes en los últimos años se ha utilizado para describir y cuantificar el intercambio y la transmisión de patógenos y permite la representación gráfica y cuantificación matemática. El presente proyecto utiliza esta herramienta con el objetivo de reconocer las diversas interacciones de virus asociados a un reporte de viroma fecal en patos silvestres con hospederos vertebrados de distribución en México. La construcción de la red bipartita no dirigida se realizó a partir de la filtración la base de datos denominada VIRION (The Globla Virome, in one Network). La estructura de la red se conformó por un total de 702 nodos. Se calcularon 4 métricas de centralidad (Degree, Betweeness, Closeness y Eigenvector). El ser humano fue el nodo predominante para todas las métricas. En cuanto a los hospederos con centralidades más altas además del ser humano, se detectaron nueve animales domésticos: *Sus scrofa, Ovis aries, Felis catus, Equus caballus, Cervus elaphus, Capra hircus, Bos taurus,Tursiops truncatus, Meleagris Gallopavo* y *Columbia livia*. En cuanto a los virus con valores de centralidad más alta, predominaron los Mastadenovirus humanos (C,D,F), virus asociados a animales domésticos (Suid alphaherpesvirus-1, Ovine gammaherpesvirus-2, Gallid alpharpesvirus-2, Bovine leukemia virus,y Porcine type-C oncovirus) así como algunos otros virus sumamente relacionados al ser humano (Murine leukemia virus, Humman gammaherpesvirus-4, Human herpesvirus-4). Los resultados reafirman el papel de los animales domésticos como puentes de comunicación en la dinámica de virus con importancia en salud pública y animal.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Relación entre la inversión en investigación y desarrollo con la vigilancia de diversidad viral en murciélagos

Nuri Flores-Pérez1 | Oscar Rico-Chávez1

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, FMVZ, UNAM.

Ponente: Oscar Rico-Chávez, orichvet@gmail.com

Regiones con alta riqueza viral y alta densidad poblacional humana son áreas prioritarias para la vigilancia viral por la posibilidad de que en estas surjan enfermedades infecciosas. En Latinoamérica y partes de Asia existen regiones que presentan una baja caracterización de virus en comparación con su riqueza de murciélagos. La inversión en investigación y desarrollo (I+D) y la riqueza de murciélagos podrían ser factores que influyen en la vigilancia viral. En este estudio, se realizaron análisis de regresión lineal para explorar la relación entre la riqueza viral asociada a murciélagos por país con dos variables: gasto interno bruto en I+D y la riqueza de murciélagos registrada por país. Los países estudiados se agruparon de acuerdo con su ingreso nacional bruto per cápita (INB), índice de desarrollo, gasto promedio en I+D, riqueza de murciélagos, región del mundo y continente. Se encontró que los coeficientes de determinación podrían indicar que hay una tendencia hacia una mayor investigación de virus asociados a murciélagos conforme mayor sea el gasto en I+D. Para la relación entre la riqueza de murciélagos y la cantidad de reportes virales, los análisis demuestran que los países con mayor riqueza de murciélagos no son los países en donde se realiza una mayor vigilancia de enfermedades. El presente estudio sugiere la reasignación de recursos a regiones que presentan una mayor riqueza de murciélagos y que cuentan con poca inversión en I+D, dirigidos a programas locales de vigilancia viral que incorporen el contexto y las necesidades regionales, utilizando enfoques transdisciplinarios que consideren la salud humana y la conservación de los murciélagos y sus ecosistemas.

Surveillance of respiratory and gastroenteric viruses in bats from an Atlantic Forest remnant in the metropolitan region of Rio de Janeiro, Brazil

Marina Galvão Bueno1 | Joana M. Maçaira1 | Leonardo Corrêa da Silva Junior2 | Patrícia Moura1 | Marcia Terezinha Baroni de Moraes1 | Paola Cristina Resende1 | Fernando do Couto Motta2 | Marilda M. Siqueira2 | Juliana da S. R. de Andrade1 | Tulio M. Fumian1 | Marize P. Miagostovich1 | Roberto Leonan M. Novaes3 | Sócrates F. Costa-Neto3 | Iuri Veríssimo3 | Stephany Nardi3 | Beatriz Maria S. Jorge3 | Marina Furtado3 | Ighor Leonardo A. Gomes2 | Ricardo Moratelli3 | Maria Ogrzewalska2

1. Laboratorio de Virología Comparada e Ambiental (LVCA), Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil; 2. Laboratório de Vírus Respiratórios e do Sarampo (LVRS), Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil; 3. Área de Saúde Ambiental, Fiocruz Mata Atlântica, Fundação Oswaldo Cruz, Brasil.

Ponente: Marina Galvão Bueno, buenomg@gmail.com

Bats are potential reservoir hosts of a wide diversity of viruses that cause respiratory and gastroenteric diseases, with impact on human and animal health, such as influenza A (*Orthomyxoviridae*), coronaviruses (*Coronaviridae*) and rotavirus (*Reoviridae*). During COVID-19 pandemic, a surveillance study was started to evaluate the presence of SARS-CoV-2 and other viruses in bats from an urban Atlantic Forest remnant of Rio de Janeiro city, Brazil. From 2020 to 2022, oral and rectal swabs and feces were collected from 269 animals of the Vespertilionidae and Phyllostomidae families. Genetic material was extracted, and samples were analyzed by real-time RT-PCR for SARS-CoV-2, influenza A virus and rotavirus. In addition, nested RT-PCR was used to detect other coronaviruses. Influenza A and SARS-CoV-2 were not detected, but 3% (8/269; CI 95%, 1.5-5.7%) were positive for coronaviruses from five phyllostomid species (*Artibeus lituratus, Carollia perspicillata, Carollia brevicauda, Phyllostomus*

hastatus, Sturnira lilium); Regarding rotavirus detection, 1% (2/186; CI 95%, 0.3-3.8%) of samples was positive from *A. lituratus*. Sanger sequencing and comparison with sequences available in GenBank showed 90.4-99.3% nucleotide similarity with other alphacoronavirus sequences obtained from South American bats. In regards to rotavirus characterization, one sample showed similarity of 95.3%, for the NSP5 gene, with sequence isolated from a bat sample from the Atlantic Forest of São Paulo, and 96.3% of similarity with a G20P[28] human strain with multiple genes related to bat rotaviruses; and a similarity of 87.6% of RVA isolate G20P[47] from a *C. perspicillata*. Full genome sequencing analyzes will still be performed with other gene targets, for better characterization of the viruses detected. Our study adds new information on the occurrence of important viruses in bat populations from Atlantic Forest of Rio de Janeiro highlighting the need for long-term viral ecological surveillance in reservoir hosts, according to the One Health approach.

Efecto de factores biológicos y ambientales sobre la diversidad de ectosimbiontes asociados a aves silvestres de cuatro municipios de Campeche, México

Maria Elvira Meneses Gonzalez1 | Angel Eduardo Herrera Mares| | Brenda Aline Maya Badillo1| Guillermo Orta Pineda1 | Karen Rivera Rosas1 | Diego Zavala Vasco1 | José Enrique Guzmán Romero1 | Diana Blanquet Ramírez Gutiérrez1 | José Iván Sánchez Betancourt1

1. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

Ponente: Maria Elvira Meneses Gonzalez, mariae@comunidad.unam.mx

Los ectosimbiontes son organismos que habitan en la superficie del cuerpo de un hospedero, quien le provee lo necesario para mantenerse y proliferar, pudiendo ser parásitos, comensales o mutualistas. Diversos factores afectan la presencia y diversidad de ectosimbiontes asociados a las aves silvestres, entre ellos, los ambientales: se ha reportado que pulgas, ácaros y moscardones son menos prevalentes en condiciones de mayor frío y humedad mientras que para los ácaros las más favorables son temperatura y humedad altas. Otros son los biológicos: en cuanto a lo conductual, se ha reportado que aquellas aves que se alimentan a nivel del suelo tienen más probabilidades de infestarse con garrapatas que las que se alimentan en otros niveles; la migración puede disminuir la intensidad de ectoparasitosis, pero también propiciar la abundancia de piojos en las aves cuando llegan a sus lugares de invernada, pues dedican más tiempo a alimentarse a costa de otras actividades, incluyendo acicalarse. En México estos factores han sido poco estudiados. Para el presente estudio, se realizó la captura de aves en dos temporadas: seca y de lluvia; haciendo uso de seis redes de niebla, activas 6 horas durante dos días en 18 sitios distribuidos en los municipios de Calakmul, Carmen, Escárcega y Palizada en Campeche. Se midieron rasgos morfométricos y se revisó minuciosamente la condición del plumaje buscando la presencia de ectosimbiontes. Estos fueron colectados con pinzas entomológicas, conservados con etanol al 90%, vaciados, aclarados y finalmente montados en laminillas para ser identificados taxonómicamente. Se capturaron 148 aves en T. seca y 209 en T. de lluvias (de 56 especies distintas). Para cada temporada fueron encontrados 1125 y 3410 ácaros (plumícolas y trombicúlidos); 386 y 66 piojos (Phtiraptera); 7 y 227 garrapatas (Ixodidae); las prevalencias de ectosimbiontes fueron de 48.64% y 54.54% respectivamente.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Aves exóticas que ingresan legalmente a Chile: implicancias para la transmisión de patógenos hacia la avifauna nativa

Catalina Acevedo Yáñez1 | María José Tolsá2 | André V. Rubio1

1. Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 2. Instituto Francés de Investigación para el Desarrollo (IRD) y Laboratorio Mixto Internacional ELDORADO.

Ponente: Catalina Acevedo Yáñez, catalina.acevedo@ug.uchile.cl

Muchas aves a nivel mundial presentan un gran potencial como diseminadoras de patógenos y como especies invasoras, gracias a su capacidad de vuelo, adaptación a nuevos ambientes y a su papel como reservorios de patógenos. Es por ello que las aves silvestres que ingresan a un país mediante el comercio son relevantes de estudiar en lo que respecta a riesgos de introducción de patógenos. En ese sentido, las aves exóticas más emparentadas con las aves nativas pueden presentar un mayor riesgo de transmisión de patógenos dada su similitud filogenética. En este estudio analizamos los datos de internaciones legales de aves exóticas a Chile, con el fin de identificar las especies que ingresan, analizar su similitud filogenética con las aves nativas, y realizar una revisión de micro y macroparásitos reportados en estas especies en otras partes del mundo. Según el registro del Servicio Agrícola y Ganadero, entre los años 2014 y 2020 han ingresado a Chile 10.261 ejemplares de 228 especies de aves. Midiendo la distancia filogenética, se identificó a las especies exóticas más emparentadas con aves chilenas. Este análisis indicó que ciertas especies del orden Psittaciformes (p.ej. *Platycercus elegans, Psephotus haematonotus, Neophema pulchella, Psittacula krameri, Trichoglossus haematodus, Neopsephotus bourkii* y tres especies del género *Agapornis*) están altamente emparentadas con aves nativas de Chile, y además presentan un alto número de ejemplares ingresados. Según los resultados preliminares de la revisión de literatura, estas especies presentan diversos micro y macroparásitos, por ejemplo, *Circovirus, Chlamydia* spp., *Dispharynx* spp., entre otros. La información generada en este estudio puede ser de importancia para la prevención de introducción de patógenos desde aves exóticas que ingresan al país..

Identificación de vectores y hospederos clave en redes de asociación de flavivirus

Elizabeth Linares-Alcántara1 | Oscar Rico-Chávez2

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

Ponente: Elizabeth Linares-Alcántara, elizabeth.linares@ciencias.unam.mx

Los flavivirus son un género de virus de RNA considerados una amenaza para la salud pública y para los sistemas de producción animal debido a que son transmitidos por una gran diversidad de vectores. Su amplio rango de hospederos dificulta caracterizar sus posibles interacciones en sistemas multihospederos. Con el fin de analizar el sistema hospedero-vector-flavivirus e identificar hospederos y vectores clave, se construyó una base de datos mediante una revisión sistemáticas de flavivirus transmitidos por mosquitos en aves a nivel mundial, con esta información se generó una red tripartita teniendo tres categorías de nodos (aves, mosquitos y flavivirus). Las especies de aves y mosquitos claves se identificaron a partir del cálculo de medidas de centralidad (grado, intermediación, cercanía y eigenvector) con la paquetería igraph en el software R. La red generada se conformó por 7 especies de flavivirus, 94 de mosquitos y 153 de aves. Se identificó como hospedero clave a *Passer domesticus*, con los valores de centralidad más altos (grado=213, cercanía=0.003, eigenvector=1 e intermediación=753.877), *Culex pipiens* fue el mosquito con mayor grado (214, cercanía=0.003 y eigenvector=0.959), y el mosquito *Culex tritaenio-*

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

rhynchus, presentó mayor intermediación (1,351.194). Llama la atención que especies de aves poco consideradas en el estudio y monitoreo de flavivirus como *Panurus biarmicus, Lamprotornis regius, Asio otus, Athene noctua* y *Caprimulgus europaeus* presentaron altos valores de intermediación (226.543) y eigenvector (0.945). Estas especies podrían significar un riesgo para la transmisión, mantenimiento y re-emergencia de flavivirus, porque en el modelo funcionan como conectores y están asociadas a nodos de alta conectividad. Especies pertenecientes a Passeriformes y Strigiformes han resultado reservorios altamente competentes según estudios experimentales, pero hacen falta estudios del orden Caprimulgiformes. Y esfuerzos de control en vectores de alta intermediación pueden tener efectos en transmisión de diversos flavivirus. Hospederos y vectores clave pueden ayudar a enfocar esfuerzos de estudio, monitoreo y control.

Determinación de la presencia de *Batrachochytrium dendrobatidis* en las ranas altoandinas: *Telmatobius macrostomus* y *Telmatobius brachydactylus*, en la Reserva Nacional de Junín, Perú

Roberto Elias1-2 | Anja Petermann1

1. Laboratorio de Vida Silvestre, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú; 2. Denver Zoological Foundation, Colorado, USA.

Ponente: Roberto Elias, roberto.elias@upch.pe

Batrachochytrium dendrobatidis (*Bd*) es el hongo responsable de la enfermedad conocida como quitridiomicosis. En la actualidad dicha enfermedad se encuentra distribuida a nivel mundial y afecta a diversas poblaciones silvestres de anfibios. En las regiones de Junín y Pasco, en el centro del Perú, existen dos especies de anuros del género *Telmatobius*: *T. macrostomus* y *T. brachydactylus*. Estas ranas se encuentran en peligro de extinción y en los últimos años ha habido una notable disminución de sus poblaciones. Las principales amenazas son de origen antropogénico, ya sea por sobreexplotación para consumo humano, introducción de trucha arcoíris, pérdida y degradación de hábitat, contaminación, actividades ganaderas, etc. Este estudio ha trabajado con muestras de hisopados cutáneos de ambas especies y PCR a tiempo real para detectar a *Bd*. De las 161 muestras colectadas de ambas especies, 35.4% (n=57) fueron positivas a *Bd*. En la especie *T. macrostomus*, 38.39% (n=43) fueron positivas y en *T. brachydactylus*, 28.57% (n=14) fueron positivas. Esto confirma la presencia de este hongo en ambas especies dentro de la Reserva Nacional de Junín (4100 msnm), área natural protegida ubicada entre las regiones de Junín y Pasco, Perú, sumándose como una potencial nueva amenaza para estos dos anuros altoandinos amenazados.

Comparison of HSV-1 detection using two different Nested PCR protocols in oral swabs of trafficked Neotropical Primates in Lima Peru

Fernando Vilchez-Delgado1 | A. Patricia Mendoza2 | Michael Talledo Albújar3 | Bruno M. Ghersi4 | Marieke H. Rosenbaum1

1. Department of Infectious Disease and Global Health, Tufts University; 2. Neotropical Primate Conservation Perú; 3. Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia; 4. Tufts University.

Ponente: Fernando Vilchez-Delgado, Fernando_Javier.Vilchez_Delgado@tufts.edu

As for many vertebrates, neotropical primates (NP) display a broad variety of host-specific herpesviral infections, the majority of which are asymptomatic. Interspecies transmission of herpesviruses, from an adapted to a non-adapted host species, can produce severe pathologies and fatalities. Of particular interest, the transmission of

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Human Herpes Simplex Virus-1 (HSV-1), a largely common virus among human populations, has resulted in the mortality of entire captive colonies and die-offs of wild NP exposed to infected humans. Due to the importance of HSV-1 for NP health, it is critical to have a quick and reliable method of detection in order to prevent its spread. In Peru, wildlife trafficking is responsible for the movement of thousands of NP around the country annually, and close interactions between humans and NP while trafficked or held in captivity facilitate HSV-1 transmission. Our preliminary data suggests that around 27.6 % (8/29) of trafficked primates in Lima between 2019 and 2021 were HSV-1 positive. These results were obtained via evaluation of oral swab samples following a Pan-Herpesvirus Nested PCR protocol targeting a conserved region of the DNA Polymerase (DPol) gene and confirmed using Sanger Sequencing of positive amplicons. While this methodology provides robust evidence of HSV-1 presence in primates, the technique itself does not allow the determination of co-infections, in which HSV-1 infections could be concealed behind other types of herpesviruses that could be present in higher concentrations. Here, we aim to compare the detection of HSV-1 by using an HSV-1-specific Nested PCR protocol targeting the Envelope glycoprotein D (gD) gene. Results of this comparison would be useful to estimate the number of HSV-1 infections that might be missed when using the DPol protocol as the only protocol available for Herpesvirus screenings.

Centros de rehabilitación de fauna silvestre como puntos de vigilancia epidemiológica ambiental para la detección de Enterobacterales resistentes a fluoroquinolonas

Valentina Sepúlveda Chávez1-2 | Valentina Aravena1-2 | Fredy Riquelme1 | Montserrat del Campo1-3 | Mauricio del Valle3 | Andrés Opazo-Capurro4 | Gerardo González-Rocha4 | Paula Aravena2 | Danny Fuentes-Castillo1

1. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán; 2. Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre, Universidad de Concepción, Chillán; 3. Centro de Rehabilitación de Aves Rapaces, Talagante; 4. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción.

Ponente: Valentina Sepúlveda Chávez, valentinse2016@udec.cl

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una importante amenaza para la salud y actualmente existe una gran preocupación con respecto a la creciente aparición de bacterias resistentes a antimicrobianos en la vida silvestre. El uso descuidado e indiscriminado de antimicrobianos de amplio espectro, como enrofloxacino, podría impactar en la selección y mantención de bacterias resistentes a fluoroquinolonas en diversos ambientes. Esto podría no sólo afectar a seres humanos y sus mascotas, sino también indirectamente a animales silvestres. En este estudio, se investigó la presencia de Enterobacterales resistentes a enrofloxacino en animales silvestres que ingresaron a dos centros de rehabilitación de fauna silvestre en Chile. Entre enero y mayo de 2022, se colectaron 100 muestras de hisopados rectales/cloacales de mamíferos y aves silvestres. Las muestras fueron sembradas en agar MacConkey suplementado con enrofloxacino (2 ug/mL). Los cultivos positivos fueron identificados mediante pruebas bioquímicas y se les determinó la Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) de enrofloxacino por el método de microdilución y el perfil de susceptibilidad a antimicrobianos de uso humano y veterinario, incluyendo fluoroquinolonas, Betalactámicos, macrólidos, cefalosporinas, anfenicoles, aminoglucósidos y tetraciclinas. Escherichia coli resistente a enrofloxacino (CIM> 32 ug/ml) se detectó en 6 animales provenientes de ambos centros. Tres aislados obtenidos desde lechuza (*Tyto furcata*), güiña (*Leopardus guigna*) y águila (*Geranoaetus melanoleucus*) fueron resistentes a más de tres clases de antimicrobianos (multirresistentes) y próximamente serán secuenciados sus genomas completos para evaluar su potencial virulento (viruloma), resistoma y relación filogenética. Este estudio de vigilancia epidemiológica de Enterobacterales resistentes a fluoroquinolonas en centros de rehabilitación de fauna,

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

evidencia que animales silvestres son bioindicadores de salud medioambiental ante la RAM. Además, ayuda a evaluar el impacto antrópico a la fauna silvestre, la cual podría estar jugando un papel importante como reservorio, diseminadores o víctimas de bacterias resistentes al ver disminuidas sus alternativas terapéuticas. .

Caracterización epidemiológica del Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH) durante el período 2000-2017 en Chile: Destacando la importancia de un enfoque desde Una Salud

Bastián Fernández-Sanhueza1 | André V. Rubio2 | Raúl Alegría-Morán

1. Laboratorio Centralizado de Investigación Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 2. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 3. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás, Santiago, Chile.

Ponente: Bastián Fernández-Sanhueza, bastian.fernandez.s@ug.uchile.cl

El Síndrome Cardiopulmonar por Hantavirus (SCPH) es una enfermedad zoonótica altamente letal causada por Andes Virus (ANDV), cuyo control ha cesado en la última década, causando todavía muertes año a año en Chile. El objetivo del presente estudio fue realizar una caracterización epidemiológica de la presentación de SCPH durante el período 2000-2017, destacando la relación existente entre los casos en humanos y los patrones poblacionales del ratón colilargo (*Oligoryzomys longicaudatus*), el reservorio más importante para esta enfermedad en Chile. Para ello, se construyeron series de tiempo con el número de casos, evaluando mediante descomposición aditiva la estacionalidad en la presentación de éstos. En términos espaciales, se evalúo la existencia de clusters en la distribución de casos confirmados de SCPH a nivel regional y comunal. Una estacionalidad marcada es observada en la presentación de esta enfermedad, con un aumento de casos durante la temporada de calor y una disminución durante la temporada fría. A nivel regional, dos clusters alto-alto fueron detectados, correspondientes a las regiones de Bío-Bío y Los Ríos. En el caso de Bío-Bío, a nivel comunal 5 clusters alto-alto fueron detectados, incluyendo a Los Ángeles, Quilleco, Santa Bárbara, Tucapel y Mulchén, además de 2 valores atípicos bajo-alto, correspondientes a Cabrero y Negrete. La distribución de los casos de SCPH descrita en este estudio, incluyendo su estacionalidad y espacialidad, se condice con la fluctuación y distribución de las poblaciones del ratón colilargo. Por ello, creemos que esta información puede servir de base para futuros estudios relacionados a ANDV, donde sean analizadas tanto poblaciones humanas en riesgo, como poblaciones del reservorio aledañas. Así, cambios en el enfoque actual de los programas oficiales de control, donde se promuevan esfuerzos conjuntos entre la salud pública humana y animal bajo el marco de Una Salud, podrían servir como respuesta para el control del SCPH. Fondecyt n° 1191769.

Detección molecular de Rotavirus A, B y C en mamíferos marinos de la región Antártica

Vanessa Mendieta Reis1 | Felipe Berrios Oyarzún1 | Javier Ferrer Valenzuela2 | Belen Monserrat1 | Victor Manuel Neira Ramírez 1

1. Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile; 2. Departamento de Ingeniería Química, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Ponente: Vanessa Mendieta Reis, vmendietareis@gmail.com

La Antártica es conocida por ser una región con temperaturas extremadamente bajas y por su poca diversidad de fauna y flora. No obstante, existen 7 especies de pinníPe-

dos que se reproducen en la región y que pueden ser hospederos de distintos tipos de patógenos. La enfermedad causada por rotavirus (RV) es considerada una causa común e importante en la morbilidad de varias especies animales, en las que puede provocar enfermedad, sobre todo en animales jóvenes o inmunodeprimidos. Particularmente, su estudio en mamíferos marinos antárticos es muy limitada. El presente estudio tuvo como objetivo analizar la circulación de tres tipos de rotavirus (RVA, RVB y RVC) en focas, leones y elefantes marinos de la región Antártica. Se colectaron un total de 19 muestras fecales y en cada una de ellas se realizó la extracción de ARN con la solución de Chomczynski-fenol. Luego, el ARN extraído fue usado para hacer la detección viral mediante un RT-qPCR (one-step). Se observó la presencia de RVA en el 5,26% de las muestras y RVC en el 21,05%. Los resultados muestran una prevalencia importante de RV en pinnípedos ilustrando la necesidad de más estudios sobre la dinámica entre patógenos y hospederos, su impacto y potencial transmisión a otras especies, sobre todo en un patógeno zoonótico como éste.

Evaluation of the immune response against a new antigen challenge in a long-distance migratory shorebird

Pablo Oyarzun Andrade1,2 | Claudio Henríquez3 | Juan G. Navedo4 | Josefina Gutiérrez1,2 | Consuelo Martorell1 | John Quiroga3 | Jonathan Vergara1,2 | Claudio Verdugo1

1. Ecology and Evolution of Infectious Diseases Lab, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 2. Programa de Doctorado en Ciencias mención Ecología y Evolución, Escuela de Graduados, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 3. Instituto Farmacología y Morfofisiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile; 4.- Bird Ecology Lab, Instituto de Ciencias Marinas y Limnológicas, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Ponente: Pablo Oyarzun Andrade, p.oyarzun.andrade@gmail.com

The maintenance and activation of the immune system as a response against a pathogen generates different benefits reflected mainly in survival and fitness of the host, however, it also produces changes at the physiological level, forcing a reallocation of resources from other systems or activities, generating trade-offs and thus affecting host life history traits, such as migration. Therefore, the expenses caused using the immune machinery generate infection costs, which can affect behavioural, metabolic and other characteristics. One of the most active immunological phases and, therefore, one of those with the highest energy demand is the APR (acute phase response), which occurs in the first 24 hours after an infection or pathogenic challenge, triggering a cascade of biochemical signals, driven mainly by the release of cytokines. To evaluate these costs, we used Limosa haemastica as a model. The changes in the immune system were measured through BKA with *Staphylococcus aureus*, haptoglobin assay and total immunoglobulin: IgY, of 16 free-living captive individuals (8 controls and 8 treated) induced by an experimental immune challenge with a new antigen (Influenza A virus of swine) in 144 samples, both in acute and chronic phase responses. Preliminary results in the BKA assay do not show differences between the control group and the immunized group, but it is relevant to observe that for both groups and at all the time points evaluated, the reduction percentage of bacterial replication was between 40% and 45%. This is striking, because the challenge was against a specific antigen, so BKA would be showing a pattern of maintenance of the innate immune system and by the activation of the complement system through the classical pathway, which responds to the formation of an antigen-antibody complex.
Fondecyt N° 1191769. ANID scholarships N° 21212004, 21201700, 21180753.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Detección de leptospirosis en crías de lobo marino común (*Otaria byronia*) varadas en Cobquecura, región de Ñuble, Chile

Sofía Navarrete1-2-3 | Mauricio Ulloa1 | Violeta Barrera4 | Liena Bravo5 | Irene Peña2-6 | Luis Patricio Soto7 | Frederick Toro8-9 | Galaxia Cortés-Hinojosa2

1. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 2. Escuela de Medicina Veterinaria, Pontificia Universidad Católica; 3. Fundación para la Conservación de la Naturaleza; 4. Asociación de Médicos Veterinarios de Fauna Silvestre; 5. Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile; 6. Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello; 7. Biology Department, University of Florida; 8. Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás; 9. ONG, Panthalassa, Red de Estudios de vertebrados marinos de Chile.

Ponente: Sofía Navarrete, sofia.navarreteq@hotmail.com

En Cobquecura, región de Ñuble, Chile, se encuentra una colonia reproductiva de lobo marino común (*Otaria byronia*), que se ha convertido en uno de los principales atractivos turísticos de la comuna. Durante los veranos, ocurren varamientos masivos de crías, principalmente asociados a marejadas. Estas crías, entran en contacto inmediato con personas y/o animales domésticos, pudiendo existir el riesgo de transmisión de patógenos entre fauna silvestre, animales domésticos y humanos. Desde la perspectiva One Health es esencial investigar el potencial riesgo para la salud pública de los varamientos ocurridos en Cobquecura. Uno de los principales patógenos zoonóticos con potencial epidémico en algunas especies de pinnípedos es *Leptospira interrogans*. Se han registrado brotes periódicos de leptospirosis que causan morbilidad y mortalidad en el león marino de California (*Zalophus californianus*), en Estados Unidos. Adicionalmente, esta bacteria ha sido reportada en leones comunes del sur de Chile, pero el estatus actual de esta bacteria en otras poblaciones chilenas es desconocido. Para evaluar la salud general y la presencia de esta bacteria en las crías, se realizó examen clínico a 45 de ellas, incluyendo toma de muestras sanguíneas para medir proteínas totales, hematocrito, glicemia y para realizar un test de diagnóstico rápido de antígeno de leptospira (WITNESSTM, Zoetis). En paralelo, la municipalidad nos permitió realizar este test en caninos. Se analizaron 21 crías de leones marinos y 10 caninos. Los resultados preliminares de este test fueron negativos, lo cual podría estar relacionado con las limitaciones del test de antígeno rápido, por ello, los resultados serán confirmados mediante técnicas moleculares (PCR). Cabe destacar que se continuará muestreando por tres años consecutivos, posteriormente se incluirán más agentes potencialmente zoonóticos y se evaluará resistencia antimicrobiana. Es de vital importancia monitorear patógenos potencialmente zoonóticos para concluir si los varamientos masivos representan una amenaza para la salud pública.

Evaluando el rol de animales silvestres como bioindicadores y víctimas de Enterobacterales productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE): Resultados preliminares

Valentina Aravena1-2 | Valentina Sepúlveda1-2 | Fredy Riquelme1 | Andrés Opazo-Capurro3 | Gerardo González-Rocha3 | Paula Aravena2 | Danny Fuentes-Castillo

1. Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán; 2. Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre, Universidad de Concepción, Chillán; 3. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción1

Ponente: Valentina Aravena, varavena2018@udec.cl

La resistencia antimicrobiana (RAM) es uno de los principales desafíos médicos que amenaza a la salud humana, animal y ambiental. En los últimos años, la OMS ha clasificado a Enterobacterales productores de beta-lactamasas de espectro extendido (E-BLEE) como patógenos de prioridad crítica. Estas bacterias han comenzado a

detectarse en animales silvestres, necesitando nuevos estudios que evalúen el rol de la fauna en la evolución y diseminación de la RAM. Entre enero y mayo de 2022, en un estudio de vigilancia epidemiológica para detectar E-BLEE en animales silvestres que ingresan a un Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre (CRFS), se analizaron 73 muestras rectales/cloacales de mamíferos y aves. Los torulados fueron inoculados en agar MacConkey suplementado con ceftriaxona (2 ug/mL) y los cultivos positivos identificados mediante pruebas bioquímicas. Para evidenciar la producción de BLEE, se realizó la prueba de sinergismo de doble disco y test de susceptibilidad a antimicrobianos usando cefalosporinas de uso humano y veterinario. Desde una muestra de jote de cabeza negra (Coragyps atratus), se detectó Escherichia coli productora de BLEE resistente a cefalosporinas de 3ra generación. El ave proveniente de Ñiquen, Chile, se encontraba en estado de desnutrición y deprimido, falleció a horas de su ingresó al CRFS. Próximamente, será secuenciado el genoma completo de esta bacteria para evaluar su viruloma, resistoma y relación filogenética. Además, se evaluará la presencia de esta E-BLEE a nivel sistémico del cadáver del ave mediante pruebas moleculares. El jote cabeza negra es un ave que se ha adaptado a zonas antropizadas, llegando incluso a alimentarse de desechos producidos en las ciudades. E-BLEE en fauna silvestre son considerados como una nueva forma de polución ambiental; este estudio demuestra la presencia de estas bacterias en aves silvestres que además actúan como bioindicadores ambientales de los ecosistemas en los que habitan.

Consultores ambientales y el trabajo con roedores: evaluación del conocimiento y percepción sobre zoonosis, prácticas de manejo y bioseguridad

Rodrigo Salgado1 | Esteban Vásquez1 | Diego A. Peñaranda2-3 | Darío Moreira-Arce5-6 | André V. Rubio1

1. Departamento de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile; 2. Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile; 3. Asociación Kauyeken, Santiago & Isla Riesco; 4. Departamento de Gestión Agraria, Facultad Tecnológica, Universidad de Santiago de Chile; 5. Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Chile.

Ponente: Rodrigo Salgado, rodrigo.salgadomoya@gmail.com

En Chile, un grupo importante de profesionales que realizan capturas de roedores son los consultores ambientales, quienes desarrollan numerosas actividades de campo en el marco de los estudios de Evaluación de Impacto Ambiental. Dado que los roedores son un grupo importante de reservorios de zoonosis, en este estudio evaluamos el conocimiento y percepción que presentan los consultores ambientales acerca de los roedores y las enfermedades transmitidas estos animales. Además, evaluamos las medidas de bioseguridad que ellos/ellas utilizan durante la manipulación de estos roedores. Se realizó una encuesta online y 208 consultores respondieron. Las profesiones se agruparon en médicos veterinarios (69), biólogos (69), ingenieros ambientales (y carreras afines) (54) y otros (16). Un 88% de los encuestados reconoció al ratón de cola larga (*Oligoryzomys longicaudatus*) como especie de riesgo zoonótico. Otros roedores reconocidos fueron las ratas (*Rattus* spp.) (45%), la laucha (*Mus musculus*) (22%) y *Abrothrix* spp. (26%). No hubo diferencias respecto a profesión en la percepción de estas especies como riesgosas, aunque se observó un mayor reconocimiento de las ratas por parte de médicos veterinarios por sobre ingenieros ambientales (OR= 2.21). La mayoría identificó al Hantavirus (98%) como zoonosis, sin diferencias por profesión, mientras que la Leptospirosis fue mayormente reconocida por médicos veterinarios (X2= 77.9, P <0.001). Un 23% de los profesionales también indicaron a la Salmonelosis, con excepción de los ingenieros ambientales (5%). La percepción de riesgo de contagio por enfermedades zoonóticas fue mayor en médicos veterinarios, mientras que las medidas de bioseguridad utilizadas en campo fueron variadas, resaltando que en general las utilizan, pero no de manera adecuada en todos los momentos de captura de roedores. La información recopilada

sugiere la necesidad de que los consultores ambientales se capaciten más adecuadamente sobre los riesgos asociados a la exposición de roedores y otras especies de fauna silvestre.

Spatio-temporal analysis and causes of sea turtle strandings in Chile between 2009 and 2021

Mario Alvarado-Rybak1 | Katherine Ramírez-Meza2 | Camila Díaz-Mancilla3 | Pablo Valladares-Faúndez2 | Frederick Toro4 | Claudio Azat5

1. Núcleo de Ciencias Aplicadas en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, Universidad de las Américas; 2. Universidad de Tarapacá; 3. Universidad Andrés Bello; 4. Universidad Santo Tomás; 5. Centro de Investigación para la Sustentabilidad, Universidad Andrés Bello.

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

Marine environments cover approximately 71% of the earth's surface, which are intensively exploited by humans for food provisioning, transportation and recreation. Sea turtles are excellent sentinel species to assess marine ecosystems health, because they are long-living animals and are widely distributed in the world's oceans, sometimes living in proximity to humans. Sea turtles are susceptible to numerous anthropogenic threats, being the most important fisheries bycatch, boat collision, human use or consumption of turtles and their eggs, and infectious diseases. The aim of this study was to characterize sea turtles strandings (STS) patterns and describe their fine scale spatiotemporal dynamics by multiple approaches. We analyzed 477 STS for spatiotemporal patterns from January 2009 to December 2021 in Chile. The high-risk areas of STS were identified in northern area, as well as a greater number of statistically significant events compared to the central and southern areas. Regarding sea turtle species, it is evident that the species with the highest number of strandings are *Chelonia mydas* (50.3%) and *Lepidochelys olivacea* (48%), where they are directly related because they are found in shallow coastal areas, therefore, they are species that interact with artisanal or coastal fisheries, where they would be areas of easy sighting, but also of high probability of bycatch. Also, increases in stranding were evidenced in each year of study and seasonal trends were observed in the months of August to November. The main causes of STS in Chile were by anthropogenic interaction (e.g., artisanal fishery), and predation. It is a cause of concern that STS events in Chile have been increasing consistently over the last decade, therefore, this study provides an important source of information to carry out conservation and management measures to know STS causes and enhance education and oversight plans regarding fisheries who work in those areas..

Descripción de desechos antropogénicos en sistema digestivo de bandurrias australes (*Theristicus melanopis*) ingresadas al Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre (CEREFAS) de la Universidad San Sebastián, Sede de la Patagonia, entre los años 2018 al 2022

Victoria Muñoz Velásquez1 | Carola Valencia-Soto1 | Lucia Azocar Aedo1

1. Universidad San Sebastián, Sede de La Patagonia, Puerto Montt.

Ponente: Victoria Muñoz Velásquez, victoria.munozv@uss.cl

En aves con hábitos terrestres, la ingesta de desechos antropogénicos esta poco descrita en literatura, encontrándose material autóctono como los gastrolitos y en menor medida contenido alóctono, principalmente vidrio. Este estudio propone determinar la presencia de desechos antropogénicos en aves con estos hábitos. Siendo el principal objetivo de esta investigación la descripción de estos desechos en 69

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

ejemplares de bandurrias austral (*Theristicus melanopis*) entre los años 2018 al 2022. Las aves nativas fueron ingresadas al Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre (CEREFAS), de la Universidad San Sebastián, sede Patagonia, desde varias localidades de la región de Los Lagos. Inicialmente los cuerpos extraños fueron visualizados a través de radiografías y por medio de tomas de muestras postmortem se pudieron clasificar los desechos antrópicos, resultando 518 desechos antrópicos en total, siendo los más abundantes los plásticos (n=214), vidrios (n=161) y metales (n=80) respectivamente. Estos hallazgos en estómago muscular, fueron clasificados por tipo de desecho, color y tamaño. Se estableció que no es concluyente la identificación de desechos antropogénicos en aparato digestivo, a través en estudio radiográfico, no obstante, si lo es con la presencia de cuerpos extraños..

Vigilancia de *Batrachochitrytrium dendrobatidis* y Ranavirus en las áreas protegidas de Colombia

Sofía Navarrete1-2-3 | Mauricio Ulloa1 | Violeta Barrera4 | Liena Bravo5 | Irene Peña2-Luz Dary Acevedo Cendales1 | Leyla Davis2 | Azucena Cabrera Jaramillo3 | Santiago Monsalve Buritica3 | Gustavo Gonzalez Durán1 | Leonor Valenzuela1 | German Forero Medina1

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

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

Los anfibios son los vertebrados más amenazados a nivel global. Colombia es el segundo país con 866 especies de anfibios, 299 de ellas en estado de amenaza. Bajo el Programa Nacional para la Conservación de Anfibios, se estableció una Estrategia de Conservación en Áreas Protegidas con la mayor concentración de especies amenazadas, para implementar acciones prioritarias *in situ* que incluyen la vigilancia de estas enfermedades. Nuestros resultados indican la presencia de Bd en 132 de los 842 individuos analizados de 57 especies, de las cuales 42 son endémicas de Colombia, 16 de localidad restringida y 24 se consideran amenazadas. No evidenciamos presencia de Ranavirus en 282 individuos de 122 especies, por lo tanto, se descartó la infección concurrente por Bd y Ranavirus. Aunque no hallamos Ranavirus es necesario continuar con el monitoreo de las poblaciones, la vigilancia epidemiológica y la implementación de medidas de manejo y bioseguridad en localidades con especies de anfibios amenazadas donde Bd está ausente.

Características de supervisión, demografía, cercanía a animales silvestres y comunidades de garrapatas asociadas a caninos domésticos en la interfaz doméstico-silvestre del Noroeste Mexicano: resultados preliminares1

Milena Arguello-Sáenz1 | Andrea Chaves2 | Gerardo Acosta-Jamett3 | Gerardo Suzán 1

1. Laboratorio de Ecología de Enfermedades y Una Salud, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México; 2. Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica; 3. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria y Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile.

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

Los perros domésticos se han identificado como fuente de infección de numerosos agentes infecciosos a otras especies domésticas, a humanos, a animales silvestres y como vectores, en el caso de enfermedades transmitidas por garrapatas. Esta dinámica de transmisión puede verse afectada por características demográficas, de tenencia animal, supervisión y restricción del movimiento de los caninos domésticos,

cercanía a vida silvestre, características correspondientes a perturbación del ambiente y variables socioeconómicas en humanos. Por lo tanto, el estudio de estas características es de gran importancia en sitios con poca información y con potenciales factores de riesgo. En este trabajo presentamos resultados preliminares obtenidos en los estados de Sonora, Chihuahua y Baja California. Se realizó la recolección de garrapatas en un total de 120 caninos domésticos, de los cuales un 38.3% (46/120) se encontraba infestado por garrapatas. Baja California presentó el mayor número de animales infestados con 25/35. En todos los animales infestados se identificó la presencia de *Rhipicephalus sanguineus s.l.* Únicamente en un individuo presentó *Otobius megnini* (Argasidae). Por otro lado, mediante un cuestionario se registró la demografía, manejo de ectoparásitos, supervisión del movimiento del animal y cercanía de animales silvestres. Los resultados principales muestran un porcentaje de 93% de supervisión nula del movimiento de los animales, lo cual permitiría su acercamiento a animales silvestres. Por otro lado, el manejo de ectoparásitos y atención veterinaria se realiza en 6.5% de las viviendas. La mayor parte de los pobladores reportan el avistamiento de animales silvestres, siendo el coyote y los zorrillos los principales. Existen características de estas poblaciones identificadas como factores de riesgo en otros estudios, por lo tanto, estos datos contribuyen como línea base para la comprensión de la presencia y dinámica de patógenos transmitidos por garrapatas en estos caninos, el cual será el siguiente paso por realizar en el proyecto

---

WildHealthNet en Perú: iniciando la vigilancia sanitaria de fauna silvestre en áreas naturales protegidas

Paulo Colchao-Claux1 | Diego Montecino-Latorre2 | Catalino Castillo-Ávila3 | Jorge Luis Martinez1 | Carlos Mogollón3 | Deyvis Huamán-Mendoza3 | Camila Germaná1 | Ana Gallegos1 | Mariana Montoya1 | José Nieto3 | Sarah H. Olson2 | Roberto Gutiérrez3

1. Wildlife Conservation Society Peru; 2. Wildlife Conservation Society, Programa Salud; 3. Ministerio del Ambiente, Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado, Perú.

Ponente: Paulo Colchao-Claux, pcolchao@wcs.org

Existe una tendencia global de emergencia de enfermedades infecciosas que pone en riesgo la conservación de la biodiversidad, la salud pública, la seguridad alimentaria y la economía. Ante esta problemática distintas iniciativas con enfoque de "Una salud" buscan mejorar los sistemas de vigilancia y manejo de enfermedades en animales silvestres. En el Perú estamos impulsando la creación la red nacional de vigilancia sanitaria en fauna silvestre bajo la iniciativa WildHealthNet, tomando como base el Sistema Nacional de Áreas Naturales Protegidas, representado por 76 áreas naturales protegidas (ANP) que conservan alrededor de 24% del territorio peruano. Para la instalación de esta red aprovecharemos la estructura ya establecida para la colecta, registro, y reporte de datos del Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas por el Estado (SERNANP), que utiliza la Herramienta de Monitoreo y Reporte Espacial (SMART). Los guardaparques utilizan SMART para registrar hallazgos durante sus acciones de vigilancia y control en el ANP. La información registrada es consolidada en los puestos de vigilancia y control, y jefatura correspondiente, donde un especialista la revisa. Luego, los datos de todas las ANPs del país se compilan en la Sede Central de SERNANP donde se sistematizan y analizan. Los guardaparques realizarán vigilancia sanitaria por escaneo, y en la primera etapa registrarán morbilidad y mortalidad de fauna silvestre detectada durante sus actividades utilizando "SMART for Health", una adaptación de SMART para el registro de eventos sanitarios. Además, utilizarán las extensiones SMART Mobile y SMART Connect para facilitar la transferencia de datos. Seleccionamos tres ANPs piloto donde realizaremos talleres de capacitación y seguimiento para ensayar la metodología propuesta, que ayudarán a establecer procedimientos para escalar la vigilancia sanitaria en fauna silvestre estandarizada a nivel nacional. Así, pretendemos sentar la piedra angular para el desarrollo de una red de vigilancia sanitaria de la vida silvestre en Perú.

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

Dinámica temporal de genes de resistencia a oxitetraciclina y florfenicol en sedimentos marinos cercanos a centros de cultivos de especies salmonídeas

Marcela Almeida1,2 | Alex Romero2 | Carmen Lopez1 | Cristobal Verdugo1,3

1 Instituto de Medicina Preventiva, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 2 Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. 3.Center for the Surveillance and Evolution of Infectious Diseases (CSEID), Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

Ponente: Cristobal Verdugo, cristobal.verdugo@uach.cl

El objetivo de este estudio fue evaluar la dinámica temporal de la concentración de genes de resistencia a oxitetraciclina (*tetM*) y florfenicol (*floR* y *fexA*) en sedimentos marinos, asociados a los periodos de producción y descanso en centros de cultivos de especies salmonídeas en fase de mar. En forma mensual (12 meses), se recolectaron 6 muestras de sedimentos desde las zonas circundantes (20 y 40 metros) desde dos centros de cultivos de salmones, junto con 3 muestras de sedimento desde una zona control sin producción salmonídea (Caleta La Arena). El número de copias de cada gen se realizó a través de la estimación de la curva estándar y la utilización de ensayos de qPCR. Adicionalmente, para cada una de las muestras se estimó la humedad relativa, de manera de estimar el número de copias del gen por gramo de materia seca (NC/grMS). Los datos fueron analizados utilizando un modelo de Poisson de efectos mixtos (*fexA*) o un modelo cero-inflado de Poisson de efectos mixtos (*tetM* y *floR*) evaluando la asociación entre NC/grMS y la i) zona de muestreo (control vs centro), ii) distancia de muestreo (20 vs 40 m), iii) estatus productivo (descanso vs. producción), y iv) época del año (primavera-verano vs. otoño-invierno). Se obtuvieron un total de 120 muestras. Debido al estallido-social y posterior pandemia, solo se pudieron muestrear 8 de los 12 meses propuestos. El análisis multivariado indico que NC/grMS de los genes *tetM* y *fexA* aumentan en el periodo otoño-invierno. Contrariamente, el gen *floR* presentó un incremento en el periodo de primavera-verano, junto con ser el único gen que presentó una disminución a los 40m vs. 20. Por otro lado, los tres genes presentaron un incremento durante el periodo productivo, así como que solo uno de los sitios productivos presentó un mayor NC/grMS que la zona control. Dado que el cultivo de salmones es un proceso cíclico de producción y descanso de los centros, cambios en el NC/grMS entre estas etapas implicaría que la concentración de genes de resistencia en el ambiente no es constante y esta tendería a disminuir durante el periodo de descanso, por lo el estudio del tiempo de descanso de los centros (actualmente no regulado) podría abrir nuevas avenidas para controlar y mitigar su potencial efectos en el medio marino.

Detección molecular de *Mycobacterium avium* subsp. paratuberculosis y *Mycobacterium bovis* en muestras clínicas de jabalíes (*Sus scrofa*) de vida libre cazados en áreas de predominancia lechera bovina de la región de Los Ríos, Chile1

Manuel Moroni1 | German Pulido1 | Marcela Villegas2 | Felipe Hernández2,3 | Eduardo Raffo4 | Carlos Tejeda2 | Miguel Salgado2.

1. Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 2. Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 3. Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile; 4. Servicio Agrícola y Ganadero (SAG).

Ponente: Felipe Hernández, Eduardo Raffo, felipe.hernandez@uach.cl; eduardo.raffo@sag.gob.cl

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) provoca una infección intestinal

RESUMEN - PONENCIAS TIPO CARTEL

crónica mayoritariamente en rumiantes, y se transmite principalmente por vía fecal-oral. Por otra parte, *Mycobacterium bovis* produce una infección crónica principalmente del sistema respiratorio en rumiantes domésticos y silvestres, incluyendo seres humanos, diseminándose a través de vía respiratoria-oral. Recientemente, el rango de hospederos de MAP y *M. bovis* se ha ampliado para incluir además especies silvestres no rumiantes. En el sur de Chile, los jabalíes silvestres, especie exótica invasora, comparten hábitat, alimento y recursos hídricos con rumiantes domésticos, especialmente bovinos quienes presentan tasas de infección alta a nivel de rebaño para MAP (> 50%) y baja para *M. bovis* (0,5%). En este particular escenario infectológico, el presente estudio buscó detectar la presencia de MAP y *M. bovis* en jabalíes de vida libre en el país. Se condujo un estudio de corte a partir de muestras de materia fecal y tejido intestinal (íleon) de 11 jabalíes cazados en áreas predominantemente usadas para lechería bovina de la región de Los Ríos. Las muestras fueron sometidas a un análisis histopatológico y a un protocolo de qPCR para la amplificación de los genes IS900 (MAP) y RD4 (*M. bovis*). Se confirmó presencia de genoma de MAP en todas las muestras de materia fecal e íleon, mientras que 3 muestras de heces resultaron qPCR-positivas a *M. bovis*. Sin embargo, las muestras de ileon y nódulos linfáticos mesentéricos no presentaron hallazgos histopatológicos compatibles. Aún cuando es tentador interpretar estos hallazgos como potencial evidencia de transmisión interespecífica, los resultados no son necesariamente indicativos de causalidad, como tampoco es concluyente el impacto en la salud de esta especie silvestre. Nuestro estudio contribuye con el conocimiento del ciclo de infección por MAP y *M. bovis* y los hospedantes involucrados, referido a la potencial transmisión de patógenos entre rumiantes domésticos y especies silvestres invasoras.

INSTITUCIONES ORGANIZADORAR

Universidad Austral de Chile

Conocimiento y Naturaleza

WDA

Wildlife Disease Association

LATIN AMERICA

NOS VEMOS EN ANTIGUA - GUATEMALA

13 AL 17 DE NOVIEMBRE

VI CONFERENCIA BIENAL WDA Latinoamérica Guatemala, 2023

ONE HEALTH: CAMINANDO JUNTOS CIENCIA Y SOCIEDAD