VI CONFERENCIA BIENAL WDA Latinoamérica GUATEMALA 2023

MEMORIAS

VI CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA, GUATEMALA 2023

Es una publicación editada por la Wildlife Diseasse Association – Sección Latinoamérica

https://www.wdalatinoamerica.org/

Responsable de la última actualización de este número: Roberto Ignacio Márquez Hernández

NOTA DE LOS COMPILADORES: El contenido de los resúmenes incluidos en esta memoria aparece tal y como fueron enviados por sus autores, salvo algunas correcciones de formato para hacerlos coincidir con las indicaciones de la convocatoria y las necesidades de impresión.

MESA DIRECTIVA

Andrea Chaves, Presidenta, Costa, Rica

Gerardo Acosta, *Vicepresidente*, Chile

Oscar Rico-Chávez, *Tesorero*:, México

Aricia Benvenuto, *Secretaria – Portugués*, Brasil

Mónica Franco, *Secretaria – Español*, Colombia

Luis Guerra, *Secretario – Español*, Guatemala

Jorge Rojas, *Representante Estudiantil*, Costa Rica

COMITÉ ORGANIZADOR

Luis Guerra, *WCS Mesoamérica*, Guatemala

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

Gerardo Acosta, *Universidad Austral de Chile* , Chile

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

Aricia Benvenuto, *University of São Paulo*, Brasil

Sheyling-Álvarado Chía, *University of São Paulo*, Brasil

Brenda Maya-Badillo, *Universidad Nacional Autónoma de México,* México

Roberto I. Márquez-Hernández, *Universidad Nacional Autónoma de México,* México

VI CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

ORGANIZADO POR

WDA
Wildlife Disease Association
LATIN AMERICA

CON EL APOYO DE:

cooperación alemana
DEUTSCHE ZUSAMMENARBEIT

Implementada por:
giz Deutsche Gesellschaft für Internationale Zusammenarbeit (GIZ) GmbH

onehealth costa rica alliance

WCS

COMITÉ EDITORIAL

Roberto I. Márquez-Hernández
Universidad Nacional Autónoma de México, México

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

Angel Herrera-Mares
Universidad Nacional Autónoma de México, México

Alejandra Valeria Zamora Vega
Universidad Nacional Autónoma de México, México

PONENCIAS MAGISTRALES

CHARLA INAUGURAL

DR. JAN FÉLIX DREXLER

Epidemiology and evolution of emerging viruses

Desde 2017 es profesor de virología en la Charité de Berlín, donde dirige el grupo de trabajo de epidemiología de virus. Su trabajo e investigación se centran en nuevos virus de humanos y reservorios animales y la posible transmisión y propagación de virus de animales a humanos. Durante la pandema de COVID-19, desempeñó un papel clave en el apoyo a medidas, particularmente en América Latina.

CHARLAS MAGISTRALES

DR. CARLOS IBARRA-CERDEÑA

Una Sola Salud en la selva Maya: Oportunidades para conservar paisajes tropicales y mejorar la calidad de vida en poblaciones rurales

Biólogo, Dr en Ciencias Biomedicas por la UNAM, Investigador y Coordinador Académico en el Departamento de Ecología Humana del Cinvestav Unidad Mérida. Especialista en ecología del paisaje, ecología animal, ecología de enfermedades y evolución. Mi interés principal es el estudio de la ecología y biogeografía de enfermedades zoonóticas, riesgos epidemiológicos debido a la alteración antropogénica del paisaje, ecología y evolución de artrópodos vectores, modelado de distribución de especies con modelos de nicho ecológico y efectos del cambio climático global en la re-distribución de enfermedades.

DRA. HELENA LAGE FERREIRA

Tracking emerging zoonotic viruses and their zoonotic potential in Brazilian wildlife

Sou formada em Medicina Veterinára em 2003 pela Universidade Estadual de São Paulo (UNESP). Obtive meu Doutorado em Genética e Biologia Molecular na Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP), com foco em Microbiologia em 2007. De 2007 a 2008, fui pesquisadora de pós-doutorado na Bélgica (Sciensano, Veterinary and Agrochemical Research Center). Fui contratada como assistente de pesquisa na mesma instituição (2008-2011). Em 2011, aceitei um cargo como professora

assistente na Universidade de São Paulo (USP) no Brasil, e sou professor associado na USP desde 2016. Também fui Pesquisadora Visitante no Southeast Research Laboratory (SEPRL-USA) da Secretaria de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) entre 2017 e 2019. Atuo como Presidente da Sociedade Brasileira de Virologia (2023-2024), membro do grupo de trabalho interministerial brasileiro para influenza aviária, e ex-membro do Comitê Consultivo do Programa Nacional de Saúde Avícola do Ministério da Agricultura do Brasil (2014-2020). Eu coordenei e colaborei em projetos financiados por minhas instituições ou outras agências nacionais e internacionais. Sou autora e co-autora de artigos de pesquisa, capítulos de livros e livros revisados por pares. Tenho supervisionado estudantes de graduação, pós-graduação e pós-doutorado. Minhas atividades de pesquisa, ensino e orientação concentram-se no diagnóstico, patogênese, diversidade de vírus, vigilância e controle de doenças virais, principalmente zoonóticas, em animais.

DR. GERARDO SUZÁN

Una Sola Salud en Centroamérica y el Neotrópico Mexicano, una Necesidad Imperante

Gerardo Suzán es Médico Veterinario Zootecnista y Maestro en Ciencias (Ecología y ciencias ambientales) por la UNAM, tiene un Doctorado en Biología por The University of New Mexico y un Posdoctorado en Medicina de la Conservación en Wildlife Trust en EUA. Su línea de investigación se ha centrado en la Ecología de Enfermedades y Una Salud y sus estudios han sido desarrollados en diferentes países incluyendo EUA, Cuba, Costa Rica, Panamá y México. Tiene más de 100 publicaciones en revistas indizadas. Actualmente es profesor titular "C" de Tiempo Completo en la FMVZ de la UNAM, es Investigador Nacional SNI Nivel 2. Fue punto focal en fauna silvestre en México de la Organización Internacional de Epizootias (OIE) 2010-2013. Perteneció al comité director de "Ecohealth international" del 2015- 2020. Actualmente es miembro de varios comités científicos de ECOHEALTH y FUTURE EARTH. Es asesor especialista del subcomité de fauna silvestre del Comité Nacional Salud Animal (CONASA) y actualmente es editor asociado de la revista "Ecohealth" y "Veterinaria México OA". Fue presidente de Wildlife Diseases Association (WDA) para Latinoamérica 2017-2019 y es Presidente y Fundador de la Asociación Mexicana de Medicina de la Conservación "KALAANKAB, A.C.". Es codirector del Laboratorio Mixto Internacional con el Proyecto de Biodiversidad, deforestación y enfermedades emergentes financiado por la agencia Francesa de Investigación y Desarrollo (IRD). Es representante de México ante la Plataforma Intergubernamental Científico-Normativa sobre Diversidad Biológica y Servicios de los Ecosistemas (IPBES) en Biodiversidad y Pandemias. Es miembro de la Academia Veterinaria Mexicana A.C. y de la Academia Nacional de Medicina. Ha dirigido 54 tesis (23 de licenciatura, 20 de maestría y 11 de Doctorado).

DRA. MÓNICA BERGER

Una Salud en una Latinoamérica multicultural: El rol de la participación social para orientaciones robustas

Directora de la Unidad de Antropología Médica del Centro de Estudios de la Salud de la Universidad del Valle de Guatemala (UVG) e investigadora asociada del Instituto Tropical y de Salud Pública de Suiza, del Departamento de Epidemiología y Salud Pública. Es antropóloga sociocultural por la UVG y doctora en Ciencias por la ETH de Zúrich (Suiza). La Dra. Berger cuenta con más de veinte años de experiencia trabajando con diversos actores sociales en la interfaz de la adaptación climática, la salud y la generación de ingresos en poblaciones vulnerables; así como en proyectos de investigación aplicada en colaboraciones internacionales centrados en la etnomedicina indígena, la etnobotánica, Una Salud, la mitigación de riesgos, la prestación de servicios sanitarios en entornos multiculturales, entre otros. Ha desarrollado métodos para procesos de investigación transdisciplinarios transculturales aplicados a entornos socialmente complejos y es autora de numerosas publicaciones sobre el tema.

DR. OSCAR RICO-CHÁVEZ

Explorando a través de escalas en ecología de enfermedades

Médico Veterinario Zootecnista con Maestría y Doctorado en Ciencias por la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UNAM en México. La principal línea de investigación del Dr. Rico es entender los factores que determinan las asociaciones entre simbiontes y hospederos, especialmente en sistema multi patógenos así como investigar los efectos de las actividades antropógenicas en la transmisión de patógenos asociados a fauna silvestre con el objetivo de generar información que pueda ser de ayuda para la vigilancia epidemiológica de fauna silvestre y su conservación. Ha participado activamente en organizaciones académicas a nivel nacional e internacional, fue secretario de la WDA Latinoámerica en el periodo 2019-2021 y actualmente participa como tesorero.

DRA. TEREZINHA KNOEBL

Resistência antimicrobiana e o impacto das linhagens de alto risco no contexto de saúde única

Médica Veterinária, com mestrado em Ciência Animal na área de Patologia Experimental e Comparada e doutorado em Epidemiologia Aplicada ao Estudo de Zoonoses, ambos os títulos concedidos pela Faculdade de Medicina Veterinária e

Zootecnia da Universidade de São Paulo (FMVZ-USP). Atualmente, professora Associada do Departamento de Patologia da FMVZ-USP, membro do Comitê Brasileiro de Teste de Sensibilidade Antimicrobiana (BrCast- Vet) e Coordenadora do curso de Pós-graduação em Patologia Experimental e Comparada. Pesquisadora científica nas seguintes áreas: medicina aviária, virulência de Enterobactérias e resistência antimicrobiana.

DR. GERARDO ACOSTA-JAMETT

Viviendo en un ambiente estresante: Dinámica de la salud de roedores en areas de interfase silvestre

El Dr. Gerardo Acosta es profesor Titular en la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Austral de Chile. Médico Veterinario y Magíster en Ciencias biológicas, mención Ecología de la Universidad de Chile y PhD in Veterinary Epidemiology de la University of Edinburgh en el Reino Unido. Sus líneas de investigación se centran en la vigilancia epidemiológica para determinar el efecto de la interacción entre animales domésticos, silvestres y el ser humano sobre la salud humana y animal y la conservación de especies silvestres, con énfasis en la emergencia de enfermedades. Ha participado en numerosos proyectos para el estudio de enfermedades infecciosas y parasitarias tanto en animales como en seres humanos. Fue presidente de la Asociación de Médicos Veterinarios Especialistas en Fauna (Chile), y actualmente es co-Chair de la Wildlife Disease Association-sección Latinoamericana, miembro del Comité de Enfermedades Emergentes de la Sociedad Chilena de Infectología, entre otros. Es Associate Editor de Frontiers in Tropical Diseases y Guest Associate Editor de Frontiers in Veterinary Science. Mantiene colaboración con investigadores de los cinco continentes. Ha formado numerosos estudiantes de pre y posgrado de América, Europa y África y tiene especial interés en la creación de redes de trabajo que faciliten el desarrollo de investigadores jóvenes y la consolidación de equipos de trabajo en Latinoamérica.

MODERADORES

Aricia Benvenuto, *University of São Paulo*, Brasil

Brenda Maya-Badillo, *Universidad Nacional Autónoma de México,* México

Lucas Federico Arce, *Universidad de Buenos Aires, Argentina*

Pablo Oyarzún Andrade, *Universidad Austral de Chile,* Chile

Roberto I. Márquez-Hernández, *Universidad Nacional Autónoma de México,* México

Sheyling-Álvarado Chía, *University of São Paulo*, Brasil

CONTENIDO

Evaluación de la regla de Bergmann en ecología de enfermedades 18

Evaluación del riesgo de diseminación del Virus del Oeste del Nilo en la ciudad de Mérida (México) 19

Estudio de *Didelphis albiventris* (comadreja overa) en la ecoepidemiología de Trypanosoma cruzi, en una nueva región de Argentina 20

Patrones de co-ocurrencia y asociación de bacterias y protozoos en roedores silvestres latinoamericanos 21

Aves silvestres y murciélagos neotropicales mexicanos en la ecología de los virus de influenza A y la fragmentación del bosque 22

Filogenia y redes globales de asociación de aves y Flavivirus 23

Impulsores de la transmisión de agentes infecciosos en paisajes fragmentados y distribución de su detección en primates no humanos Neotropicales 24

Recambio en la composición de especies en comunidades de helmintos de carnívoros en el continente americano 25

Distribution, transmission, and risk factors of infection with canine vector-borne pathogens in wild foxes and free-ranging dogs in Chile 26

Una Salud - puede ser la clave educativa para protección de fauna silvestre 27

Knowledge, attitudes, and practices towards the risk of zoonotic diseases, wildlife trade and wildlife consumption in Latin America 28

Factores de exposición y prácticas de prevención de enfermedades zoonóticas durante el desarrollo de prácticas de campo en estudiantes de Medicina Veterinaria y Biología 29

Determinación del conocimiento sobre One Health a nivel comunitario en Uaxactún, Carmelita y Paso Caballos. 30

Datos abiertos de Biodiversidad y su uso para estudios de enfermedades infecciosas: una visión desde Latinoamérica 31

Surveillance of polyomavirus in stranded cetaceans, Brazil: Identification of novel polyomavirus in Guiana dolphins (*Sotalia guianensis*) 32

Sarcoptic mange: An emerging panzootic in wildlife 33

Ni el clima, ni factores de impacto humano: infección por el hongo quítrido afecta el microbioma de la piel de un anfibio endémico en un hotspot de biodiversidad 34

Bacterial community strucuture and diversity from ticks of carnivores in a human-wildlife interface 35

VI CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

Cambios en la composición de comunidades de roedores y sus pulgas a lo largo de un gradiente de perturbación en el noroeste de México 36

Detección molecular de bacterias de los géneros Rickettsia y Bartonella en ácaros Mesostigmata y Trombiculoidea asociados con roedores en sitios con distintos uso de suelo en las fronteras norte y sur de México 37

Riesgo mundial de infección-transmisión de mosquitos vectores del Serocomplejo de la Encefalitis Japonesa.....38

Diversity of mosquitoes (Diptera:Culicidae) and detection of arbovirus in fragmented landscape of Tropical Deciduous Forest in Central Mexico.....39

Effects of land use on avian and mosquito assemblages: implications for WNV and St Louis encephalitis in the Yucatán Península, México.....40

Hemoparasitos aviários: o impacto da sazonalidade em mata semidecidual na distribuição de parasitos 41

Uso del Conocimiento ancestral Maya para la prevención de enfermedades trasmitidas por insectos en Peten, Guatemala. 42

Lecciones aprendidas sobre la Implementación del Enfoque One Health para el monitoreo y vigilancia de enfermedades en Guatemala 43

Determinantes socio-culturales de enfermedades emergentes transmitidas por vectores (ETV) en la Península de Yucatán (PY).....44

The rising global economic costs of *Aedes* and Aedes-borne diseases 45

Spatio-temporal dynamics and drivers of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Chile. 46

Evidence of natural exposure to Chikungunya Virus (Alphavirus, Togaviridae) in Golden-Headed Lion Tamarin (*Leontopithecus chrysomelas*, Kuhl, 1820) from Southern Bahia, Brazil: What does this means? 47

¿Es el visón norteamericano (Neogale vison) un potencial hospedador centinela de Mycobacterium bovis en una interface ganadera/silvestre de la región de Los Ríos, Chile?48

Detección de Cryptosporidium parvum y Giardia lamblia en mamíferos silvestres en un gradiente de antropización en el Noroeste de México.....49

Descifrando el papel eco-epidemiológico de los coyotes en el ciclo de natural de Rickettsia rickettsii en el Noroeste de México.....50

Immunopathological Study of Toxoplasmosis in Brazilian Neotropical Primates: A Morphometric Comparison of Splenic lymphoid tissue in Two Genera.....51

Hemoparásitos del sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul* Lesson, 1827).....52

Microbioma de la piel del sapito de cuatro ojos en un amplio rango latitudinal: en la búsqueda de probióticos para mitigar la Quitridiomicosis.....53

Establecimiento de una línea base en la medicina de la conservación en comunidades coralinas del Pacífico de Costa Rica.....54

Molecular and pathological investigation of herpesvirus in baleen whales stranded on the Brazilian coast..... 55

Microplásticos en las heces del tapir centroamericano (*Tapirus bairdi*i) de la Selva Maya. 56

Primer caso de un tapir brasileño (*Tapirus terrestris*) de vida libre con sororeactividad para estomatitis vesicular en la Amazonía 57

Turismo y animales silvestres: una asociación con potencial epidemiológico para facilitar el Spill-over 58

Novel herpesviruses in Neotropical carnivores of Brazil..... 59

Investigação molecular de agentes virais respiratórios em mamíferos selvagens de um centro urbano no Brasil 60

Estudio del perfil bioquímico y hematocrito de tortugas verdes (*Chelonia mydas*) y golfinas (*Lepidochelys olivacea*) en comparación con sus alteraciones físicas, en el Centro de Rehabilitación de Fauna Marina del Parque Nacional Machalilla. 61

Metabolomic changes induced by the immune activation in a long-distance migratory shorebird. 62

Evaluación del fitness a partir de la eco inmunología: un estudio experimental en aves.... 63

Creciente Amenaza de la Resistencia Antimicrobiana a la Conservación de la Fauna Silvestre Neotropical. ¿Qué Estamos Haciendo Mal? 64

Evidencia de anticuerpos SARS-Cov-2 en roedores silvestres de la península de Yucatán. 65

Morfometría filogenética aplicada a la caracterización de poblaciones de reservorios de virus zoonóticos 66

Zoonosis: Socioeconomic, Cultural and Environmental Connections in the Mexico-US border..... 67

Diseño e implementación de herramientas moleculares para el diagnóstico de *Chlamydia* spp en reptiles silvestres bajo cuidado profesional en los Zoológicos de la Ciudad de México 68

Mortalidad y patología de la subespecie de manatí antillano (*Trichechus manatus manatus*) en Puerto Rico..... 69

Ehrlichia chaffeensis detectada en garrapatas (Ixodida: Ixodidae) en un Bosque Tropical Caducifolio en México. 70

Fauna silvestre atropellada como fuente de colecta de material biológico..... 71

Monitoreo de genes de resistencia a antibioticos en sedimentos marinos asociados a centros de cultivos de especies salmonídeas – una comparacion de periodos de produccion y descanso..... 72

Virus de Influenza y Animales Silvestres en México 73

A new *Plasmodium* sp. lineage infecting a Red-Legged-Seriema (*Cariama cristata*), with remarks on its exo-erythrocytic pathogenicity..... 74

Interacciones indirectas entre ganado bovino y visón norteamericano (*Neogale vison*): implicancias para la transmisión de patógenos en una interface ganadera/silvestre de la región de Los Ríos, Chile.....75

Distintos serovares de Leptospira en tapires brasileños (*Tapirus terrestris*) en los biomas del Pantanal, Cerrado y Amazonía.....76

Abscesos intramusculares encontrados en tapires (*Tapirus terrestris*) en el estado de Mato Grosso do Sul - Brasil 77

Cambios clínicos encontrados en tapires brasileños (*Tapirus terrestris*) de vida libre capturados en una región de monocultivo en la Amazonía 78

Sarna Sarcóptica: explorando patrones asociados a susceptibilidad taxonómica 79

Rabies in Brazilian tapir (*Tapirus terrestres*): case report 80

Amphibian evolutionary relationships capture microbe associations despite contrasting pathogen pressures: Insights from a latitudinal gradient of biodiversity in South America ..82

Resultados preliminares del proyecto “Una Salud: conocimientos, percepción de riesgo y estrategias de prevención de las enfermedades zoonóticas en las comunidades del municipio de Calakmul”. 83

Uso de estatolitos en la estimación de edad y tasa de crecimiento en *Turbinella angulata, Sinistrofulgur pervesum* y *Lobatus costatus*: implicancias en la conservación de recursos pesqueros.....84

Caracterización y perfil de resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas de heridas en animales silvestres sobrevivientes de incendios ocurridos en febrero de 2023, regiones de Ñuble y Bio-bio en Chile. 85

Estableciendo un programa de vigilancia de salud para las poblaciones de la danta centroamericana (*Tapirus bairdii*) a través de una red colaborativa en Costa Rica. 86

Factores asociados a la concentración de glucocorticoides en pelo del ratón orejudo de Darwin (*Phyllotis darwini*) en un contexto de antropización 87

Medidas para la reducción del riesgo potencial de transmisión de parásitos gastrointestinales en primates no humanos mantenidos en cautiverio 88

Understanding the genetic diversity of the MHC class I and II in a long-distance migratory shorebird 89

Avian haemosporidians in Neotropical lowlands: morphological and molecular description of *Leucocytozoon* n. sp. in a non-migratory Brazilian bird Cariama cristata co-infected with *Haemoproteus pulcher* 90

Casuísticas de casos en salud de animales silvestres y domésticos en parques urbanos: ¿existen relaciones con abuso humano? 91

Aportes de datos x-ómicos al abordaje de una parasitosis: El caso de *Dioctophyme renale* 92

Impacto de la extracción de animales silvestres en Guatemala.....93

Identificación de roedores como hospedadores de *Trypanosoma* spp. en el altiplano de Chile 94

Pathological findings in wild carnivores killed by vehicle collisions on highways in the state of Sao Paulo, Brazil. 95

Contributions of road mortality to the knowledge of pathogens in wild carnivores: molecular screening of RNA viruses 96

Parasitismo en aves del Neotrópico 97

Toxoplasmosis en lémures cola anilla (*Lemur catta*), bajo cuidado profesional. Diagnóstico clínico-patológico y molecular. 98

First detection of mastadenovirus in bats of Atlantic Forest of Rio de Janeiro, Brazil 99

Surveillance of Rotavirus A in bats from an Atlantic Forest remnant in the metropolitan region of Rio de Janeiro, Brazil 100

Lyperosomum sp. (Digenea: Dicrocoeliidae) en pequén (Strigiformes: Athene *cunicularia*): nueva asociación hospedero-parásito..... 101

Envenenamiento por mordedura de serpiente en animales de compañía y con fines pecuarios en Costa Rica: un enfoque desde la visión “Una Salud” 103

Accounting for bias in prevalence estimation: The case of a globally emerging pathogen 104

Detección de rotavirus a, b y c en muestras de heces de lobo fino austral (*Arctocephalus australis*) de la isla Guafo, Chiloé, Chile..... 105

Dinámica estacional de las comunidades de mosquitos (Diptera: Culicidae) en un gradiente de urbanización en Yucatán, México..... 106

Caracterización morfológica y molecular de Trematodos (*Platyhelminthes*) del murciélago perro mayor *Peropteryx kappleri* (*Emballonuridae*) en Chajul, Chiapas, México..... 107

Análisis de la variación en la microbiota de murciélagos filostómidos de México asociada al cambio en el paisaje..... 108

Efecto del uso del suelo sobre redes ecológicas murciélago-ectoparásito en el sur de México. 109

Frecuencia de ectoparásitos en perros de la subregión Centro del estado de Tabasco, México 110

Sampling Methods for Disease-diversity Relationship Studies in South America 111

Hantavirus spillover risk in Chile predicted by rodent-ectoparasite relationships 112

Principales alteraciones clinicopatológicas en mamíferos silvestres del sistema reservorio de *Trypanosoma cruzi*: Revisión de alcance..... 113

Detección molecular de Orthoflavivirus en aves silvestres de la Península de Yucatán, México 114

Pasantía en manejo, diagnóstico y terapéutica de especies silvestres en el centro de rescate Toucan Rescue Ranch, San Isidro de Heredia, Costa Rica 115

VI CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA

CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

Caracterización y análisis genómico de Klebsiella oxytoca multi-resistente produciendo infección en Pudu puda victima de los incendios de febrero 2023 en la zona centro sur de Chile....116

Estudo retrospectivo da análise dentária de *Nasua nasua* de vida livre que coabitam a região urbana de Belo Horizonte, MG, Brasil....117

Evaluando prioridades de conservación de los roedores de Chile, mediante una aproximación filogenética....118

Health monitoring of animals subject to illegal trafficking in the Maya Biosphere Reserve119

Evaluación de la regla de Bergmann en ecología de enfermedades

Karen D. Sarmiento-Arias | Diego Soler-Tovar | Luis E. Escobar

Ponente: Karen D. Sarmiento-Arias, kdsarmientoa@udistrital.edu.co

RESUMEN: La regla de Bergmann dicta que en zonas de bajas temperaturas, los animales presentan una tendencia a ser de mayor tamaño. El *Desmodus rotundus* es reconocido como el principal transmisor del virus de la rabia, una enfermedad zoonótica de distribución mundial que ocasiona alrededor de 60.000 muertes humanas al año especialmente en Asia y África, así como graves daños en la industria ganadera en América Latina. El tamaño corporal se hipotetiza como factor determinante en las tasas de depredación de muchas especies, lo que sugiere más ataques de *D. rotundus* con mayor corpulencia y más riesgo de transmisión de patógenos. En este estudio se evaluó la regla de Bergmann midiendo el tamaño corporal de *D. rotundus* como factor de riesgo en el ataque al ganado, a lo largo de gradientes de baja a alta temperatura. Se estimó la variación en el tamaño de la especie durante los últimos 100 años mediante un masivo gradiente climático a lo largo de los Andes Colombianos. Para esto se tomaron medidas de la longitud del antebrazo y del pulgar de más de 600 individuos depositados en diferentes colecciones mastozoológicas de especímenes colectados en Colombia, donde se encontró que el tamaño del antebrazo tiene asociación con el sexo, geografía, temperatura y año de colecta. Los resultados sugieren que animales de gran tamaño no ocurren de forma azarosa, en su lugar, el tamaño de *D. rotundus* puede ser predicho. Esta investigación es de las primeras en abordar teorías biogeográficas en la ecología de enfermedades y por ello, en la presentación oral en Antigua Guatemala se describirá a detalle los efectos del clima y elevación sobre el tamaño corporal de *D. rotundus*, las implicaciones del cambio climático en el tamaño de los mamíferos, la ecología de rabia y distribución de enfermedades infecciosas transmitidas por murciélagos en Latinoamérica.

MODALIDAD ORAL

Evaluación del riesgo de diseminación del Virus del Oeste del Nilo en la ciudad de Mérida (México)

Alheli Flores-Ferrer | Gerardo Suzán Azpiri | S ébastien Gourbière | Etienne Waleckx

Ponente: Alheli Flores-Ferrer, alhelik@hotmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: El Virus del Oeste del Nilo (VON) es el principal agente causal de encefalitis virales a nivel mundial. El VON se transmite mayormente de manera vectorial y se mantiene en un ciclo enzoótico principalmente entre aves del orden Paseriforme y vectores del género *Culex*. Actualmente hay una tendencia global que favorece la urbanización, la cuál produce modificaciones en las comunidades de vectores y hospederos que pueden potencialmente facilitar la transmisión de agentes infecciosos. En este estudio diseñamos un modelo R0 con el fin de evaluar el riesgo de propagación del VON en la ciudad de Mérida (México) y de evaluar el efecto de los cambios de las comunidades de hospederos en el riesgo de propagación del VON en zonas urbanas. El modelo fue parametrizado con información ecológica y epidemiológica para los vectores de la especie *Culex quinquefasciatus* y para una comunidad de aves. Los principales resultados de este modelo muestran que hay un periodo de 3 semanas en agosto en el cual hay un riesgo de propagación del virus (R01). Además, en los escenarios que analizamos, los cambios en las comunidades de aves favorecidas por la urbanización pueden provocar que la duración del periodo de riesgo se multiplique por 6, que el valor del riesgo aumente en un 40% y que las estrategias que permitan reducir el riesgo de diseminación del VON a través de la reducción de la comunidad de vectores, pasen del 13% al 56%. Identificamos a la especie *Quiscalus mexicanus* como la especie con más impacto en el riesgo de diseminación del virus, llegando a tener más de cuatro veces más impacto que las demás especies.

Estudio de *Didelphis albiventris* (comadreja overa) en la ecoepidemiología de Trypanosoma cruzi, en una nueva región de Argentina

Melisa E. Morales | Juan P. Mackern-Oberti | Catalina Muñoz San Martín | Pedro E. Cattan | Mariella Superina

Ponente: Melisa E. Morales, melimorales23@gmail.com

RESUMEN: La enfermedad de Chagas, causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi*, es una compleja zoonosis que involucra en sus ciclos de transmisión múltiples mamíferos y vectores triatominos. Los marsupiales del género Didelphis se reconocen como los principales hospedadores silvestres en diferentes regiones. Con el objetivo de evaluar el rol de *Didelphis albiventris* (comadreja overa) en el solapamiento de los ciclos de transmisión de *T. cruzi*, se estudiaron seroprevalencias, cargas parasitarias y DTUs (genotipos) de *T. cruzi* en comadrejas y perros (centinelas del ciclo doméstico) en Mendoza, provincia centro oeste de Argentina. También se analizaron frecuencias de infección, DTUs y fuentes de alimentación de vectores triatominos. Durante 2018-2022, se obtuvieron muestras de sangre de 52 comadrejas y 327 caninos en un gradiente urbano-rural del Área Metropolitana de Mendoza (AMM). Mediante serotipificación (antígeno TSSA) se determinaron DTUs circulantes en mamíferos hospedadores. Se analizaron, mediante técnicas moleculares (qPCR y HRM), 108 triatominos de las mismas áreas. La seroprevalencia en comadrejas fue del 45%, con infecciones relacionadas al ciclo silvestre (TcI, III y IV); sólo dos individuos tuvieron genotipos relacionados al ciclo doméstico (TcII, V, VI). En cánidos la prevalencia fue del 22%, con infecciones de DTUs domésticos y silvestres. La frecuencia de infección en *Triatoma infestans*, *Tr. patagonica* y *Tr. eratyrusiformis* fue del 16% con patrones de infección mixta y presencia de todas las DTUs, demostrando el solapamiento de los ciclos de transmisión. Las cargas parasitarias fueron bajas en todos los animales y vectores infectados. La paloma doméstica y el humano fueron las fuentes de alimentación predominantes en triatominos domésticos y silvestres, mientras que murciélagos y cuises fueron las únicas especies silvestres identificadas. Estos resultados demuestran la existencia de ciclos de transmisión doméstica de *T. cruzi* en el AMM, con infecciones de origen silvestres que podrían haberse incorporado a través de mecanismos de spillover.

MODALIDAD ORAL

Patrones de co-ocurrencia y asociación de bacterias y protozoos en roedores silvestres latinoamericanos

Andrea Chaves | Oscar Rico-Chávez | Gerardo Suzán

Ponente: Andrea Chaves, andrea.chavesramirez@ucr.ac.cr

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Las coinfecciones no son simplemente la suma de efectos causados por cada parásito en un hospedero. Sino el resultado de una combinación compleja de la especificidad hospedero-patógeno, asociación patógeno-patógeno dependientes del hospedero y del paisaje (favorecen o limitan). Por su complejidad hoy día las coinfecciones representan un eje fundamental en ecología de enfermedades. Para determinar patrones de coinfección evaluamos bacterias transmitidas por ectoparásitos (BTE): *Borrelia*, *Ehrlichia* y *Anaplasma*; enterobacterias: *Campylobacter* y *Salmonella*; y protozoarios: *Cryptosporidium* y *Giardia* en roedores Latinoamericanos. i. Determinamos prevalencias realizando una búsqueda sistemática. ii. Utilizamos modelos para definir co-ocurrencias positivas, negativas y neutras. iii. Realizamos análisis de redes para buscar la especificidad de hospedero (índice de H). En el modelo de coocurrencias *Cryptosporidium-Giardia*, *Salmonella-Giardia* y *Cryptosporidium-Salmonella* reportan co-ocurrencias positivas, coincidiendo con estudios especialmente de zonas agrícolas. Se sugiere que la agricultura al modificar estructura y funcionamiento de los ecosistemas favorece infectividad y transporte de patógenos. La complejidad de interacciones es más compleja en BTE, determinamos co-ocurrencias positivas entre diversas especies (eje: *A.phagocytophilum-E.chaffensis*, *B.bissettiae-B.miyamotoi*). En BTE muchas coinfecciones se asocian al ectoparásito y no al hospedero, ya que muchos ectoparásitos albergan dos o más agentes infecciosos transmitiéndolos simultáneamente. Adicionalmente, determinamos co-ocurrencias positivas entre salmonela y BTE's (eje: salmonela con diversas borrellias) especialmente en hospederos sinantrópicos. En las redes de asociación sobresalen los hospederos sinantrópicos (eje: *Rattus rattus*, *Peromyscus maniculatus*) asociados a mayor diversidad espacial y posibilidad de contacto con parásitos y otros hospederos. En ambientes conservados (IH≈1) la red resultó más estructurada que en el perturbado (IH≈0). En ambientes alterados las condiciones de transmisión se propician, reduciéndose la diversidad, aumentando la densidad de hospederos, e intensificándose interacciones antropogénicas. Somos conscientes que este estudio no estuvo exento de limitaciones, las coocurrencias y asociaciones pudieron afectarse por la propensidad de que algunos agentes infecciosos sean estudiados juntos.

Aves silvestres y murciélagos neotropicales mexicanos en la ecología de los virus de influenza A y la fragmentación del bosque

Brenda Aline Maya Badillo | Guillermo Orta Pineda | Gerardo Suzán Azpiri | Karen Elizabeth Rivera Rosas | Diego Zavala Vasco | Adrián Uribe Jacinto | Andrea Chaves Ramírez | Víctor Arroyo Rodríguez | René Alvaro Segura Velázquez | José Iván Sánchez Betancourt

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

RESUMEN: Las aves y los murciélagos tienen una gran diversidad de especies y son los únicos vertebrados voladores en la Tierra, una característica que se ha relacionado con su capacidad para albergar una gran diversidad viral, además de las radiaciones evolutivas que les han permitido ocupar diversos hábitats y nichos ecológicos, colonizando la mayor parte del planeta. El objetivo de este estudio fue identificar la exposición e infección a los virus de influenza A en aves y murciélagos distribuidos en bosques tropicales fragmentados del sureste de México para determinar el efecto de la fragmentación per se. El área de estudio se encuentra en el estado de Campeche, localizado en el sureste de México. Utilizamos seis redes de niebla colocadas al interior del bosque en 23 sitios con diferente grado de fragmentación, determinada a partir de la clasificación supervisada de imágenes satelitales. Para conocer la seroprevalencia de las muestras de suero de aves y murciélagos a virus de influenza A utilizamos una ELISA comercial y para la prevalencia molecular se realizará la extracción del RNA viral y una RT-PCR a partir de raspados orofaríngeos, cloacales y rectales. Con un esfuerzo de muestreo de 14 horas por sitio por grupo taxonómico, capturamos 466 aves que pertenecen a 23 familias y a 90 especies y 648 murciélagos pertenecientes a cuatro familias y a 24 especies. Solo el 2% de aves y 1% de murciélagos fueron positivos a la exposición de virus de influenza A. Nuestros resultados indican una seroprevalencia muy baja para virus de influenza A en aves y murciélagos neotropicales de México. Sin embargo, con los resultados moleculares será posible ampliar el conocimiento de la ecología de los virus de influenza A en hospederos silvestres con características biológicas, ecológicas y evolutivas que les permiten albergar agentes infecciosos con potencial zoonótico en ambientes fragmentados.

MODALIDAD ORAL

Filogenia y redes globales de asociación de aves y Flavivirus

Elizabeth Linares-Alcántara | María José Tolsá | Oscar Rico Chávez

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

RESUMEN: Los Flavivirus son virus de RNA considerados una amenaza a la salud pública y la economía global; las aves son el principal reservorio amplificador de estos virus. El entender qué factores explican la asociación de Flavivirus y diferentes especies de aves a nivel macroecológico es imperativo para prevenir futuros brotes. Se ha propuesto que la filogenia, la distribución geográfica y otros caracteres funcionales pueden explicar la importancia de hospederos dentro de redes de asociación viral. En el presente trabajo se construyó una red de asociación de Flavivirus y aves a nivel global, incluyendo 278 especies de aves y 7 especies de Flavivirus. Se calcularon las medidas de centralidad de cercanía e intermediación como medida de la importancia de los hospederos en la red, y se utilizó un modelo de mínimos cuadrados generalizados filogenéticos (PGLS) para determinar si la cercanía e intermediación se explican por una señal filogenética, usando como factores el tamaño de rango geográfico, la masa corporal y el estatus del hospedero (migratorio o doméstico). Se incorporó el número de resultados de búsqueda en PubMed para cada especie de ave para controlar por esfuerzo de muestreo. Los mejores modelos obtenidos fueron: (cercanía ~ tamaño de rango geográfico + estatus migratorio + resultados de búsqueda en PubMed) con AIC= 27, λ= 0.785, e (intermediación ~ tamaño de rango geográfico + resultados de búsqueda en PubMed) con AIC= 185, λ= 0.549. Estos sugieren que la cercanía de los hospederos está dada por la cercanía filogenética (λ=0.785), diferente es el caso de la intermediación (λ=0.549), cuyos valores se explican mejor por el tamaño de rango geográfico. Esta información puede ser útil para alertar sobre riesgo de brotes, tomando en cuenta el grado de parentesco entre especies y prediciendo dinámicas virales en nuevos hospederos y comunidades.

MODALIDAD ORAL

Impulsores de la transmisión de agentes infecciosos en paisajes fragmentados y distribución de su detección en primates no humanos Neotropicales

María del Carmen Villalobos-Segura | Andrea Chaves | Juan Ricardo Sánchez-Ayala

Ponente: María del Carmen Villalobos-Segura, macavs324@gmail.com

RESUMEN: Los primates neotropicales son reportados desde el sur de México hasta el norte de Argentina y el sur de Brasil, presentando una alta diversidad de especies. Una proporción significativa de sus hábitats se ha visto afectado por actividades antropogénicas favoreciendo el contacto con humanos y sus agentes infecciosos. Así mismo, la estrecha relación filogenética entre humanos y primates no humanos es reconocida como un factor importante para el intercambio y emergencia de agentes infecciosos zoonóticos. Por lo que, una barrera para limitar la transmisión es la reducción de la exposición y de encuentros interespecíficos. En este trabajo evaluamos el riesgo de transmisión bi-direccional entre humanos y primates neotropicales. Mediante una revisión sistemática determinamos 1451 registros pertenecientes a 122 especies de hospederos y 267 agentes infecciosos, incluyendo virus, bacterias, helmintos y protozoarios asociados a primates neotropicales. Entre los países con mayor cantidad de estudios están Brasil y Perú mientras que en aquellos con menor número de registros están Honduras y El Salvador lo que puede ser resultado de la diversidad de primates neotropicales que se distribuyen en estos países, así como de la posibilidad de realizar investigaciones en estas regiones. En el neotrópico, humanos y monos comparten alrededor de 89 taxones de parásitos para un total de 472 registros, principalmente virus, bacterias y protozoos, los cuales presentan diversos mecanismos de transmisión agrupados en directos e indirectos. Diferencias en estos mecanismos puede dar como resultado una variación en el éxito de transmisión del agente infeccioso, dependiente de las características del paisaje. Mediante este tipo de trabajos podemos conocer grupos de patógenos, especies de hospederos y sitios donde son necesarios más investigaciones. Así como, aspectos fundamentales para establecer relaciones entre la influencia de factores antropogénicos, transmisión bi-direccional, evolución y prevalencia de agentes infecciosos, que permitan el desarrollo de estrategias de mitigación.

MODALIDAD ORAL

Recambio en la composición de especies en comunidades de helmintos de carnívoros en el continente americano

Karen Uxue Martínez Pérez | Luis Daniel Avila Cabadilla | Oscar Rico Chávez

Ponente: Karen Uxue Martínez Pérez, k.uxue.mp@gmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Los estudios que evalúan el recambio en la composición de las comunidades de organismos parásitos a lo largo de diferentes gradientes ambientales y espaciales desde un enfoque macroecológico son escasos. Por su diversidad, importancia para la salud y conservación, así como por la disponibilidad de información, el sistema helmintos-carnívoros constituye un buen modelo para evaluar el recambio de especies de parásitos en una escala continental. En el presente trabajo, se recopilaron registros de asociaciones parásito-hospedero en vida silvestre para definir comunidades mediante el agrupamiento de los registros por segmentos latitudinales de 10° y subdividiendo por ecorregiones. Usando la partición de la diversidad beta se calculó el recambio y anidamiento de comunidades de helmintos en dos diferentes escalas, entre especies hospederas pertenecientes a la misma comunidad y entre comunidades de diferentes segmentos latitudinales. Asimismo, se calculó el recambio taxonómico, filogenético y funcional de los hospederos en las mismas escalas. Se realizaron modelos lineales simples con el recambio de parásitos como variable de respuesta y la distancia geográfica y el recambio de hospederos como variables independientes. El recambio filogenético de hospederos explicó en mayor grado el recambio de los parásitos dentro de las comunidades (R. = 0.56, p 0.05); mientras que la distancia geográfica explicó el recambio de parásitos entre comunidades de hospederos (R = 0.47, p 0.05). Los resultados deben tomarse con precaución debido a los sesgos de muestreo, se destaca la importancia de realizar estudios helmintológicos en el continente, especialmente en la región neotropical donde es evidente la falta de datos. Los estudios macroecológicos en este y otros sistemas parásito-hospedero contribuyen a la comprensión de los límites de la distribución geográfica de los parásitos y puede proporcionar nuevas perspectivas en el estudio de la biodiversidad.

Distribution, transmission, and risk factors of infection with canine vector-borne pathogens in wild foxes and free-ranging dogs in Chile

Sophia Di Cataldo | Aitor Cevidanes | Claudia Ulloa-Contreras | Javier Millán

Ponente: Sophia Di Cataldo, sophidica@hotmail.com

RESUMEN: Canine vector-borne pathogens (CVBP) comprise a major group of worldwide-distributed pathogens that are transmitted by arthropods and affect wild and domestic canids. Despite this, information about the presence, distribution, and impact of CVBP in dogs and foxes in the Chile is very scarce and has probably been underestimated. Here we sampled 981 dogs, 155 Andean foxes (*Lycalopex culpaeus),* 90 grey foxes (*L. griseus*), and 82 Darwin's foxes (*L. fulvipes*) from six different bioclimatic regions of Chile. Molecular tools and immunofluorescence antibody tests were used to detect the CVBPs. The presence/exposure of *Anaplasma platys* in all six bioclimatic regions was confirmed. *Ehrlichia canis* was not molecularly detected in any sample. Data suggest that free-ranging dogs in Chile could be favoring the maintenance of *A. platys* in all areas suitable for its tick vector. Although apparently infrequent, spillovers from dogs to foxes may be taking place and should be considered in management plans in Chile. The widespread canine hemoplasmas in Chile were demonstrated. A higher prevalence was detected in regions where ticks were absent and in male dogs, suggesting that blood ingestion from aggressive interactions may be an alternative route of transmission. The presence of shared hemoplasma haplotypes between dogs and foxes showed that interspecific transmission is occurring. Likewise, hemoplasmal DNA was screened and characterized in Darwin's foxes, an endemic and extremely endangered canid of Chile. In this species, hemoplasmas resulted endemic, showing a predominant intraspecific transmission, and an apparent lack of associated pathology. Finally, the presence of *Hepatozoon*, piroplasmids, and filariids was analyzed, describing the first records for Chile of *Babesia vogeli* in dogs and of *Hepatozoon* in foxes. This project contributed to filling the knowledge gap in the epidemiology of vector-borne pathogens shared between domestic and wild animals in Chile, having implications for the transmission ways of the studied agents.

MODALIDAD ORAL

Una Salud - puede ser la clave educativa para protección de fauna silvestre

Isabelle Paquet-Durand

Ponente: Isabelle Paquet-Durand, bzwildlifeclinic@gmail.com

RESUMEN: Se comparte las experiencias del programa de capacitación y sensibilización "Wildlife Ambassador Program - WAP " de Belice con objetivos, contenidos, resultados y lecciones aprendidas. El programa WAP se enfoca en el principio de una salud, tráfico ilegal, conflicto humano con fauna, leyes nacionales, zoonosis, y una introducción a emergencias comunes, rescate y rehabilitación de fauna. La capacitación se hizo sobre todo en workshops de dos días, con nueve exámenes y un certificado a la final. Este curso está aceptado por 15 créditos por veterinarios de Belice y fue muy bien recibido. Además el programa hizo uso de las redes sociales, eventos en línea y newsletters. Los grupos de meta en los primeros dos años fueron policías, militares, guardaparques y miembros de las comunidades (estudiantes, Alcaldes y personas interesadas) con más que 20 encuentros en todo el país y 250 participantes certificados al día. Los participantes también tiene acceso a una red de soporte y una línea directa por emergencias de fauna y conflicto humano fauna de 24 horas. Introduciendo el concepto de Una Salud facilitó conectar las personas con la importancia de salud ambiental y salud de vida silvestre. Queremos compartir dificultades y éxitos usando el concepto de una salud para mejorar la respuesta al tráfico ilegal, conflicto humano fauna y emergencias de fauna por medios de un programa educativo.

MODALIDAD ORAL

Knowledge, attitudes, and practices towards the risk of zoonotic diseases, wildlife trade and wildlife consumption in Latin America

Maria Teresa Solis Soto

Ponente: Maria Teresa Solis Soto, maritesolissoto@gmail.com

RESUMEN: Latin America is one of the most biodiverse regions in the world. Like other regions, it faces significant challenges related to conservation that increase human-wildlife conflicts and the risk of new zoonotic diseases. The project aims to identify knowledge, attitudes, and practices towards the risk of zoonotic diseases, wildlife trade, and consumption in different populations living in urban and rural areas, including indigenous communities, of Latin America. It is implemented in the lowlands of Bolivia, Brazil, Chile, and Guatemala. Mixed methods along five work packages are in implementation: 1)Quantitative baseline information about knowledge, beliefs, and perceptions about these issues in the general population; 2)Qualitative analysis considering in-depth interviews with key stakeholders and focus group discussions in order to explore the vision and position of certain groups on the subject, also barriers and facilitators for the implementation of intervention strategies in the different populations are identified; 3)Collaborative work with a multidisciplinary and inter-sectoral team to analyze the current situation of wildlife considering the previous results. Strategies were selected to address prioritized problems in the short and medium term; 4)Design and implementation of tailor-made educational interventions, and finally, 5)Dissemination activities at different levels will be implemented. The preliminary results show common challenges in all four countries. Communities have reported low knowledge and very little training on zoonotic diseases. Likewise, risky practices in handling or interacting with animals were identified. Additionally, little articulation between the health sector, and biodiversity conservation was detected. It is reflected in isolated strategies and little comprehensive vision of the problems. Problems were identified that need to be addressed as a priority. Different opportunities to address the problems are also identified that need to be implemented with an interdisciplinary, considering participatory strategies that take into account the needs of the communities, respect for their rights, and understanding their history, context, and dynamics.

MODALIDAD ORAL

Factores de exposición y prácticas de prevención de enfermedades zoonóticas durante el desarrollo de prácticas de campo en estudiantes de Medicina Veterinaria y Biología

Roberto I. Márquez Hernández | Angel Herrera Mares | Oscar Rico Chávez

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

RESUMEN: Los médicos veterinarios y biólogos se enfrentan a diversas fuentes potenciales de patógenos zoonóticos desde el inicio de su carrera académica. El propósito de este estudio fue identificar en estudiantes los factores de exposición y prevención a enfermedades zoonóticas establecidas en los Protocolos de Control de Infecciones emitidos por la AVMA durante sus prácticas de campo. Se aplicó una encuesta en línea a 170 estudiantes (84% veterinaria y 16% biología). Se observó que el 44% tuvo más de seis prácticas de campo en el último año, la mayoría (30.3 %) con una duración promedio de 3 a 7 días. 75% realizó manejo con animales enfermos y un 68 % tuvo contacto con cadáveres. Se observó que el 57% realizó actividades en áreas infestadas de garrapatas y mosquitos (66%). Así mismo, el 46% realizó manejo con fauna silvestre y 89% con animales domésticos. En cuanto a las buenas prácticas, más de la mitad de los encuestados usó siempre guantes al manipular cadáveres o tejidos, 44% siempre uso ropa protectora para evitar picaduras de vectores y 41% reviso visualmente la presencia de ectoparásitos. En relación con la capacitación, el 9% de los estudiantes nunca recibió capacitación antes de su salida a campo y 31% no se le orientó sobre las vacunas necesarias antes de salir a campo. Solo el 38% pudo negarse a realizar actividades que comprometían su seguridad. Así mismo el 65% de los estudiantes asistieron enfermos a campo y una fracción similar resulto enfermo posteriormente. 91% de los encuestados sufrió picaduras de vectores y 75% fue salpicado con fluidos en piel. Concluimos que la mayoría de los estudiantes implementan acciones para la prevención de zoonosis. Sin embargo, es necesario fortalecer las acciones de académicos e instituciones para garantizar el total cumplimiento de las recomendaciones emitidas por la AVMA.

Determinación del conocimiento sobre One Health a nivel comunitario en Uaxactún, Carmelita y Paso Caballos.

Sofia Rosales

Ponente: Sofia Rosales, srosales@wcs.org

RESUMEN: La Reserva de la Biósfera Maya (RBM) presenta las condiciones ideales para que prosperen innumerables agentes infecciosos. En el área interactúan no solo varios hospederos y vectores, sino también existe una fuerte presión antropogénica derivada de los cambios de uso de suelo y el aumento de la presencia humana en ambientes naturales. Ante este panorama, se hizo necesario realizar una evaluación a nivel comunitario del conocimiento, prácticas y riesgos asociados a la salud pública y veterinaria. Para evaluar el nivel de conocimiento comunitario, se realizaron entrevistas semiestructuradas a actores clave de tres comunidades inmersas en la RBM: Paso Caballos, Uaxactún y Carmelita. Los resultados preliminares indican que las tres comunidades manejan aves de traspatio y cerdos (50%) debido a que sus medios de subsistencia se basan principalmente en la producción agropecuaria. No obstante, en Carmelita la presencia de ganado equino (19%) es más alta debido a la fuerte demanda de bestias de carga para turismo. En cuanto a prácticas de manejo, los resultados son similares: a) los cuidados profilácticos se limitan a la desparasitación y hay una fuerte tendencia a la poca o nula vacunación en todos los animales, b) los reportes de enfermedades son mayoritariamente en gallinas (Newcastle, Bronquitis y Viruela) con ninguna temporalidad de aparición notablemente marcada, c) el uso de antibióticos en agua como forma preventiva es una práctica ampliamente difundida (70%), y d) el uso de encierros nocturnos en cerdos y aves de traspatio es común (≈ 95%), sin embargo, el contacto con fauna silvestre puede ocurrir en la periferia durante el día. Tales prácticas de manejo suponen una amenaza para la salud integral del área y sus habitantes, por lo que se hace necesario la implementación de acciones enfocadas en reforzar buenas prácticas de manejo y medicina preventiva en humanos y animales domésticos.

MODALIDAD ORAL

VI CONFERENCIA BIENAL WDA LATINOAMÉRICA
CONSTRUYENDO PUENTES PARA LA CONSERVACIÓN EN LATINOAMÉRICA

Datos abiertos de Biodiversidad y su uso para estudios de enfermedades infecciosas: una visión desde Latinoamérica

Francisca Astorga

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

RESUMEN: Las especies silvestres pueden cumplir diversos roles en la dinámica de agentes infecciosos (AI), muchos de los cuales afectan la salud humana, animal y conservación de la biodiversidad. Muchos estudios de AI utilizan datos de distribución y presencia de especies involucradas. Por ejemplo, datos de ocurrencia de patógenos, huéspedes o vectores pueden ayudar a identificar zonas de nuevo brotes, o pueden ser la base para modelamiento de nichos ecológicos. Estos datos de ocurrencia, sin embargo, tienden a ser escasos, sesgados o incompletos, separados en diversas fuentes de información (ej. revistas científicas, repositorios gubernamentales, ciencia ciudadana) y en múltiples formatos (ej. planillas, tablas pdf), haciendo compleja e ineficiente su sistematización. Dada la inédita generación de datos de biodiversidad, existen iniciativas para promover su acceso y uso para estudios de salud de fauna silvestre, siguiendo principios FAIR (encontrable, accesible, interoperable, reutilizable). Para poder realizar un diagnóstico general de estas prácticas en la región, se colectaron estudios con autores Latinoaméricanos asociados a AI que utilizaran datos de biodiversidad, explorándolos con análisis bibliométricos y caracterización de contenidos. Dentro de los 38 estudios encontrados se identificaron 13 enfermedades, todas zoonóticas exceptuando Batrachochytrium dendrobatidis, que afecta a anfibios. Los estudios tendieron a tener colaboración intercontinental, incluyendo afiliaciones y temáticas de diversas disciplinas y gobernanzas. Los datos usados fueron principalmente de vectores, seguido por huéspedes y reservorios (ej. roedores, primates), con escaso uso de datos de patógenos. Los abordajes más frecuentes fueron asociados a distribución de especies, interacciones ecológicas, y predicción de riesgos. En Latinoamérica, los datos de biodiversidad son escasamente utilizados para estudios de AI, restringidos a un bajo número de países, enfermedades y especies, con poco enfoque en fauna silvestre. Los datos de biodiversidad representan un recurso valioso pero subutilizado, y las prácticas de Open-Data deberían ser promovidos bajo un enfoque de Una Salud.

Surveillance of polyomavirus in stranded cetaceans, Brazil: Identification of novel polyomavirus in Guiana dolphins (*Sotalia guianensis*)

Aricia Duarte-Bevenuto | Josué Díaz-Delgado | Cíntia Favero | Ana Carolina Ewbank | Vanessa dal Bianco | Samira Costa-Silva | Roberta Zamana-Ramblas | Kátia R. Groch | Adriana Castaldo Colosio | Hernani da Cunha Gomes Ramos | Elitieri Santos-Neto | Jose Lailson-Brito | Vitor L. Carvalho | Vanessa L. Ribeiro | Carolina Pacheco Bertozzi | Caroline Freitas Pessi | José Luiz Catão-Dias | Carlos Sacristán

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

RESUMEN: Polyomaviruses (PyVs) are small double-stranded DNA viruses capable of infecting species across all animal taxa. They are generally considered host-specific and responsible for subclinical infections in immunocompetent hosts. In cetaceans, PyVs have only been reported in common dolphin (*Delphinus delphis*) associated with ulcerative tracheobronchitis and laryngeal epithelial intranuclear inclusion bodies, and in common bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*) and killer whale (*Orcinus orca*) without associated lesions. Thus, we conducted a survey for PyV in 120 cetaceans stranded along the Brazilian coast, from 2002 to 2022, comprising 18 different species (27 mysticetes and 93 odontocetes). Standardized necropsies were performed and samples were collected for molecular assays and histopathology. Total DNA was extracted from lungs using a commercial kit, and a nested-PCR partially amplified the VP1 gene of PyV. In positive individuals, all frozen available samples were also tested for PyV, and formalin-fixed tissues were examined by histopathology. Polyomavirus was detected in two juvenile female Guiana dolphins (*Sotalia guianensis*), out of the 24 tested (8.3%), stranded in Rio de Janeiro (Rio de Janeiro state) and Guriri (Espírito Santo state) in 2017 and 2018, respectively. Both retrieved sequences were identical and presented 90.3% nucleotide identity with Dolphin polyomavirus 1 detected in a common dolphin (KC594077), suggesting a novel species. On histopathology, one of the positive individuals presented basophilic intranuclear inclusion bodies morphologically compatible with polyomavirus. Other available tissues from both cases were PyV-PCR-negative; however, both individuals tested positive for Guiana dolphin morbillivirus. Our findings suggest that this novel PyV has a tropism for the respiratory system. To our knowledge, this is the first report of PyV infection in cetaceans of the Southern Hemisphere and the first description of a co-infection with morbillivirus. Ongoing studies will further characterize this PyV and investigate the pathogenicity and host-specificity of this novel virus in Guiana dolphins.

MODALIDAD ORAL

Sarcoptic mange: An emerging panzootic in wildlife

Luis E Escobar

Ponente: Luis E Escobar, escobar1@vt.edu

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Sarcoptic mange, a skin infestation caused by the mite *Sarcoptes scabiei*, is an emerging disease for some species of wildlife, potentially jeopardizing their welfare and conservation. *Sarcoptes scabiei* has a near-global distribution. In this review, I synthesize the current knowledge concerning the geographic and host taxonomic distribution of mange in wildlife, the epidemiological connections among wildlife species, forms of transmission and virulence, and the potential threat of sarcoptic mange for wildlife conservation in Latin America. Recent sarcoptic mange outbreaks in wildlife demonstrate ongoing geographic spread, an increase in the number of hosts, and increased virulence. Sarcoptic mange has been reported in more than 150 species of mammals, making it one of the most generalist ectoparasites of mammals. In my presentation, I will propose a new agenda for the study of sarcoptic mange in wildlife in Latin America, including the study of the phylogeography of *S. scabiei*, linkages between ecological host traits and sarcoptic mange susceptibility, immunology of individuals and species, development of control strategies in wildlife outbreaks and the effects of global environmental change in the sarcoptic mange system. The ongoing transmission globally and sustained spread among areas and wildlife species make sarcoptic mange an emerging panzootic in wildlife. A better understanding of sarcoptic mange could illuminate the aspects of ecological and evolutionary drivers in cross-species transmission for many emerging diseases.

Ni el clima, ni factores de impacto humano: infección por el hongo quítrido afecta el microbioma de la piel de un anfibio endémico en un hotspot de biodiversidad

Leonardo D. Bacigalupe | Jaiber J. Solano-Iguaran | Ana V. Longo | Juan D. Gaitán-Espitia | Andrés Valenzuela-Sánchez | Mario Alvarado-Rybak | Claudio Azat

Ponente: Leonardo D. Bacigalupe, lbacigal@gmail.com

RESUMEN: El microbioma de la piel de los anfibios es un componente clave del sistema inmunitario innato del huésped. Sin embargo, carecemos de una comprensión completa de los mecanismos por los que diferentes factores pueden alterar esta función modulando la estructura del microbioma. Nuestro objetivo fue evaluar cómo distintos atributos del huésped y factores extrínsecos influyen en la estructura del microbioma. Examinamos la diversidad bacteriana de la piel en 148 individuos del sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul*) procedentes de 16 localidades que abarcan casi 1.800 km de latitud. La estructura fue caracterizada usando la diversidad alfa (riqueza) y beta y la abundancia de variantes de secuencias de amplicones bacterianos. Los predictores asociados al hospedador (estado de desarrollo, linaje genético, infección individual por *Batrachochytrium dendrobatidis [Bd])* y al paisaje (clima actual, grado de perturbación antropogénica) se incluyeron en los análisis estadísticos utilizando criterios de información. La infección por *Bd* y el estado de desarrollo fueron los únicos predictores que afectaron a la riqueza del microbioma: los individuos *Bd+* y los adultos y juveniles presentaron una mayor riqueza que los *Bd-* y los renacuajos, respectivamente. La mayor riqueza en individuos *Bd+* no se debe a familias bacterianas con propiedades *anti-Bd*. La diversidad beta no se vio afectada por la infección de *Bd* y fue principalmente una consecuencia del recambio de familias bacteriana, más que del anidamiento. Finalmente, para aquellas familias bacterianas que se sabe que tienen efectos inhibidores sobre el hongo quítrido, los individuos *Bd-* fueron ligeramente más diversos que los *Bd+*. Inesperadamente, los factores macroclimáticos y de impacto humano no parecen desempeñar un papel en la conformación del microbioma de la piel en esta especie. Nuestro estudio ejemplifica que centrarse en un único sistema hospedador-parásito a gran escala geográfica puede proporcionar información importante sobre los factores que impulsan las interacciones hospedador-parásito-microbioma.

MODALIDAD ORAL

Bacterial community strucuture and diversity from ticks of carnivores in a human-wildlife interface

Claudio Verdugo

Ponente: Claudio Verdugo, claudioverdugo@uach.cl

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Ticks are responsible for the transmission of the greatest diversity of human and animal pathogens among blood-sucking arthropods. The transmission risk of vector-borne diseases is highly associated with several human-driven factors, such as habitat fragmentation and changes in land use. We evaluated the changes in the bacterial community diversity and structure of two species of ticks, *Amblyomma tigrinum* and *Rhipicephalus sanguineus*, from domestic dogs and wild foxes along a large gradient of urbanization, from peri-urban to a wild protected area, in Northern Chile. We collected 344 ticks (117 A. tigrinum from wild foxes, 112 A. tigrinum from dogs, and 115 R. sanguineus from dogs) and amplified the hypervariable V3-V4 16S rRNA region (550bp). Reads were processed using the DADA2 pipeline to estimate microbial diversity using amplicon sequence variants (ASVs). We calculated three measures of alpha diversity: observed richness, Shannon diversity index, and Faith's phylogenetic diversity, using the Phyloseq package. Beta-diversity analysis was performed by estimating non-metric multidimensional scale analysis (NMDS) and principal coordinate analysis (PCoA) on weighted UniFrac distances. Preliminary results indicate that the bacterial richness of *A. tigrinum* in foxes is lower in peri-urban sites than in rural and wild areas. Furthermore, Shannon diversity was higher in ticks from dogs in rural (*A. tigrinum*) and wild (*R. sanguineus*) areas. Interestingly, we detected a wide diversity of *Rickettsia* spp. in *A. tigrinum* from wild foxes. Our results highlight the role of these areas in the interface between humans and domestic animals and wildlife for the circulation and transmission among different species of potential zoonotic pathogens.

Cambios en la composición de comunidades de roedores y sus pulgas a lo largo de un gradiente de perturbación en el noroeste de México

Adriana Marlen Fernández González

Ponente: Adriana Marlen Fernández González, frogaf@gmail.com

RESUMEN: Los cambios en el paisaje ya sea por fenómenos naturales o por actividades asociadas al hombre, pueden cambiar la estructura y composición de comunidades de hospederos y ectoparásitos. Como consecuencia los patrones de transmisión de algunos microparásitos pueden modificarse y aumentar la probabilidad de emergencia o reemergencia de enfermedades infecciosas. La región transfronteriza del noroeste de México posee áreas destinadas a la conservación que preservan una gran biodiversidad, y áreas asociadas a actividades humanas como la agricultura y la ganadería. Estudios previos en la región han detectado la circulación de microorganismos en roedores y sus pulgas con potencial zoonótico. La diversidad β taxonómica permite evaluar los cambios en la composición de comunidades locales dentro de una región. Por lo anterior, en este estudio describimos y evaluamos mediante la diversidad β taxonómica las comunidades de roedores y sus pulgas a lo largo de un gradiente de perturbación en tres localidades ubicadas en el noroeste de México. Los resultados mostraron una alta diversidad β taxonómica en las comunidades de roedores y pulgas entre los niveles de perturbación (conservado, intermedio y perturbado). En roedores se observó que los cambios en la composición de las comunidades se deben a cambios en la identidad y abundancia de las especies, mientras que en pulgas la identidad y abundancia o la pérdida de especies, son los que explican los cambios en sus comunidades. Algunas especies de roedores y pulgas que fueron abundantes en nuestro estudio, se han asociado a bacterias patogénicas para el nombre.

MODALIDAD ORAL

Detección molecular de bacterias de los géneros Rickettsia y Bartonella en ácaros Mesostigmata y Trombiculoidea asociados con roedores en sitios con distintos uso de suelo en las fronteras norte y sur de México

Angel Herrera-Mares | Fabiola Ramírez-Corona | Adriana Marlen Fernández-González | Lourdes Citlalli Maza Castañeda | Milena Argüello-Sáenz | Andrea Chaves | Carmen Guzmán-Cornejo | Karen Elizabeth Rivera Rosas | Gerardo Suzán

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

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Los ácaros asociados con roedores han sido reportados como vectores de microorganismos de importancia en salud pública aunque su estudio está sesgado hacia grupos particulares. En este trabajo se realizó la detección molecular de bacterias de los géneros *Rickettsia* y *Bartonella* en muestras de ácaros Mesostigmata y Trombiculoidea colectados sobre roedores en localidades de las fronteras norte y sur de México. Cada sitio fue caracterizado de acuerdo con su cobertura vegetal. Los roedores fueron capturados, revisados y cepillados para la colecta de los ectoparásitos. Los ectoparásitos de cada huésped fueron fijados y preservados con etanol al 96%. Se capturaron 1275 huéspedes pertenecientes a 42 especies, pero sólo 26 tuvieron al menos un ácaro. De estos huéspedes se recuperaron 7563 ácaros. Algunos ejemplares fueron seleccionados para la extracción de DNA con un kit comercial por grupos o de ácaros que iban desde dos a 30 individuos. Se procesaron 215 pools que fueron analizados por PCR punto final para la detección del gen citrato sintasa con primers específicos para cada género de bacterias. Un pool (0.46%) dio positivo a *Rickettsia*, el cual correspondió a ácaros de la especie *Androlaelaps fahrenholzi* asociados con el roedor *Perognathus flavus* del estado de Sonora en un sitio ganadero (frontera norte); mientras que dos pools (0.93%) dieron positivos a *Bartonella*, uno de *Steptolaelaps heteromys* y otro de Trombiculoidea asociados con el roedor *Heteromys gaumeri* del estado de Campeche (frontera sur) en un sitio de selva. Este es el primer reporte de la detección de estas bacterias en este grupo de ácaros para el país.

Riesgo mundial de infección-transmisión de mosquitos vectores del Serocomplejo de la Encefalitis Japonesa

María José Tolsá García | Magdalena Laura Wehmeyer y | Renke Lühken | David Roiz

Ponente: María José Tolsá García, mariajosetolsag@gmail.com

RESUMEN: El incremento de los virus zoonóticos transmitidos por mosquitos demandan estimaciones sobre el riesgo de infección y transmisión. El Serocomplejo de la Encefalitis Japonesa (SEJ) es un grupo de flavivirus con importantes implicaciones en la conservación de la vida silvestre, salud pública y economía. En el presente estudio estimamos a nivel mundial las infecciones naturales en investigaciones de campo y la eficiencia en la transmisión en laboratorio de mosquitos del género *Culex*. Se estudiaron cuatro flavivirus pertenecientes al SEJ: el Virus del Oeste del Nilo (VON), el virus de la Encefalitis de San Luis (VESL), el virus Usutu (VUSU) y el virus de la Encefalitis Japonesa (VEJ). Realizamos una revisión sistemática utilizando el método PRISMA para ambas aproximaciones. El riesgo de infección-transmisión fue calculado para los cuatros virus a través de siete variables. Consideramos 130 y 95 artículos para el campo y el laboratorio, respectivamente. Identificamos 30 especies de mosquitos *Culex* naturalmente infectadas y 23 especies con el potencial de transmitir bajo condiciones de laboratorio los cuatro virus. Para el SEJ el valor de infección-transmisión más alto fue registrado en el *Culex quinquefasciatus* (norte America), para el VON en el *Culex restuans*, en el VUSU en el *Culex pipiens* (Europa), para VESL en el *Culex quinquefasciatus* (norte America) y finalmente para VEJ el *Culex gelidus* (Oceania). Concluimos que a nivel mundial, la combinación de datos de campo y laboratorio es una vía útil para el entendimiento de la infección y transmisión de virus zoonóticos en las especies de mosquitos vectores.

MODALIDAD ORAL

Diversity of mosquitoes (Diptera:Culicidae) and detection of arbovirus in fragmented landscape of Tropical Deciduous Forest in Central Mexico

Izquierdo-Suzán Mónica | Zaval Guerrero Paula Belen | Portela Salomao Renato | Medellin Rodrigo A | Ojeda Flores Rafaél

Ponente: Mónica Izquierdo-Suzán, monica.izquierdo@iecologia.unam.mx

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Fragmented landscapes where wild fauna, farmlands, and rural areas coexist make up much of Mexico's landscape. Spillbacks can occur in these areas; arbovirus can be established among local fauna and be the source of new outbreaks. Although mosquito communities heavily depend on habitat characteristics, it is not fully understood how changes in landscape structure and composition may affect mosquito communities and mosquito-borne diseases. This work assessed the effect of landscape metrics like urbanization, croplands, and native vegetation coverage on the diversity of mosquitoes and their arbovirus in fragmented Tropical Deciduous Forest. Mosquitoes were collected in a Tropical Deciduous Forest surrounded by farmland, protected natural areas, and urbanized landscapes. Species were identified through morphology and pools were made of females of the same place and species. Total RNA was extracted, and arboviruses were detected using quantitative reverse transcription PCR (qRT-PCR). We found a total of 25 mosquito species belonging to six genera, being *Culex quinquefasciatus* the most abundant and widespread species of all the study, following *Aedes aegypti*, *Ae albopictus* and *Ae epactius*. Other species belonging to genus *Haemagogus* and *Psorophora* were only present in areas with high degree of native vegetation serving as indicator species. *Ae aegypti* was the only specie in which its abundance increased in more urbanized landscapes. Zika and dengue virus were detected in 76% of captured species; nevertheless, in México arbovirus studies focus solely on *Ae aegypti*. This study highlights the importance of extending entomovirological surveillance to more species and understanding the vector competence of other mosquito species and dynamics in fragmented landscapes. Disease and vector ecology are fundamental in public health measurements to adequately address this public health problem.

Effects of land use on avian and mosquito assemblages: implications for WNV and St Louis encephalitis in the Yucatán Península, México.

Paulina A. Pontifes | María José Tolsá García | Omar García Suárez2 | David Roiz

Ponente: Paulina A. Pontifes, pontifes.pa@gmail.com

RESUMEN: La mayoría de los patógenos emergentes con relevancia para la salud pública son capaces de infectar a múltiples especies, a la vez que muchos de estos patógenos son transmitidos por macroparásitos vectores. La complejidad de estos sistemas requiere estudiarlos en el contexto de la ecología de comunidades, con respecto a su composición y la influencia de variables que impactan la abundancia y presencia de hospederos y vectores, como la precipitación y el uso de suelo. Caracterizar estas asociaciones es importante porque en sistemas multihospedero, no todas las especies contribuyen por igual a la dispersión y persistencia de estos parásitos. Este tema resulta prioritario cuando consideramos las creciente frecuencia de la alteración de comunidades biológicas derivadas de impactos antropogénicos que degradan los ecosistemas. En este sentido, el objetivo de este trabajo fue evaluar si las asociación entre aves reservorias de dos flavivirus (el Virus del Oeste del Nilo y el virus de la encefalitis de San Luis) y los mosquitos vectores de estos patógenos ocurren con mayor frecuencia bajo ciertos tipos de uso de suelo. El estudio se desarrolló en 15 localidades de la Península de Yucatán en México, con un gradiente de uso de suelo de conservado a urbano. Para caracterizar las asociaciones entre aves reservorio, mosquitos y el uso de suelo se usaron modelos jerárquicos multiespecie (HMSC). Este método se eligió porque permite evaluar de manera simultánea las asociaciones entre múltiples especies y variables ambientales, ofreciendo un panorama integral de la ecología del vector y los factores que modifican las asociaciones entre especie. Cabe destacar que este es un trabajo en proceso, cuyos resultados permitirán evaluar si sitios con un uso de suelo asociado a mayor pertubación favorecen la multiplicación de mosquitos y aves generalistas que representan un mayor riesgo para la transmisión de estos flavivirus.

MODALIDAD ORAL

Hemoparasitos aviários: o impacto da sazonalidade em mata semidecidual na distribuição de parasitos

Luiz Gustavo Magalhães Alves | Patrícia de Abreu Moreira | Leonardo Esteves Lopes | Pedro Henrique Oliveira Pereira | Vitória Loiola Batista | Coralie Martin | Érika Martins Braga

Ponente: Patrícia de Abreu Moreira, patricia.moreira@ufop.edu.br

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Hemoparasitos são organismos encontrados na circulação sanguínea de vertebrados, tais como mamíferos, répteis e aves. Dentre esses destacam-se protozoários do gênero *Haemoproteus, Plasmodium* e *Trypanosoma*, bem como filarídeos da família Onchocercidae. A infecção de aves por esses hemoparasitos pode reduzir o fitness, ou seja, a sobrevivência e sucesso reprodutivo desses animais. O estudo da interação parasito-hospedeiro permite elucidar mecanismos evolutivos e ecológicos em diferentes biomas e fitofisionomias bem como determinar o impacto de fatores bióticos e abióticos na distribuição, riqueza e abundância de hemoparasitos. O presente estudo busca identificar os fatores que estruturam a comunidade de hemoparasitos aviários e a possível influência destes na comunidade de aves ao longo do tempo em uma área de mata semidecidual em uma área de transição entre os biomas Cerrado e Mata Atlântica, na região central do Brasil. As aves foram capturadas mensalmente, entre novembro de 2021 a outubro de 2022, e o sangue foi coletado para confecção de esfregaços sanguíneos para diagnóstico morfológico de hemosporídeos *Plasmodium* e *Haemoproteus*, filarídeos e tripanosomatídeos. O sangue coletado foi utilizado ainda para diagnóstico molecular destes parasitos. Um total de 475 aves foram capturadas e, destas, 53 (11%) e 16 (3%) estavam infectadas por hemosporídeos e filarídeos, respectivamente. Coinfecções entre esses organismos também foram observadas nas aves amostradas. Investigaremos agora a influência de fatores bióticos (características dos hospedeiros), abióticos (fatores climáticos) e evolutivos (filogenia dos hospedeiros e parasitos) na determinação dos padrões de distribuição e riqueza desses parasitos. Nossos resultados preliminares são promissores para o desenvolvimento de conhecimentos teórico sobre as interações parasito-hospedeiro em ambientes tropicais, para a elaboração de ferramentas que possam, a longo prazo, auxiliar programas de conservação da biodiversidade da avifauna brasileira.

Uso del Conocimiento ancestral Maya para la prevención de enfermedades trasmitidas por insectos en Peten, Guatemala.

Carlota Monroy

Ponente: Carlota Monroy, mcarlotamonroy@gmail.com

RESUMEN: En la Selva Maya (Guatemala, Belice, México) existen una gran variedad de enfermedades trasmitidas por vectores, los métodos tradicionales usados por los Ministerio de Salud usan insecticidas químicos de forma periódica, lo que implica altos costos y consecuencias ambientales. Los Mayas estaba acostumbrados a construir sus templos con cal y a usar muchas variedades de plantas tanto insecticidas, como repelentes además de medicinales y alimenticias, estos conocimientos recuperados y aplicados por varias instituciones en comunidades Mayas de habla quekchi (Kekchi) y Pocomchi (Poqomchi) son el tema de este trabajo. Probamos la cal en paredes de las viviendas de madera y el uso de preparados plantas insecticidas como métodos alternativos aprobados por la comunidad. La aplicación de cal por las mismas familias de las comunidades y el uso de preparaciones de madre cacao *Glriricidia sepium*, como uno de los componentes de insecticidas caseros es evaluado. Hábitos alimenticios y conocimientos de enfermedades vectorial son documentados en ambas comunidades mayas. El trabajo conjunto con el Ministerio de Salud permitirá la aplicación de estos resultados en otras comunidades.

MODALIDAD ORAL

Lecciones aprendidas sobre la Implementación del Enfoque One Health para el monitoreo y vigilancia de enfermedades en Guatemala

Luis Fernando Guerra | Sofia Rosales

Ponente: Luis Fernando Guerra, lguerra@wcs.org

RESUMEN: El objetivo del proyecto fue fortalecer las bases para la gestión de riesgos, prevención y vigilancia de enfermedades zoonóticas a través de una Guía multisectorial con el enfoque de One Health para Guatemala. Esto con el fin de reducir el impacto de eventos emergentes y prevenir la aparición de nuevas enfermedades, a través de un mejor conocimiento y coordinación con los programas de vigilancia, prevención y respuesta rápida. Este proyecto abordó el fortalecimiento de capacidades de vigilancia epidemiológica y buscó la reducción de riesgos e implementación de mejores prácticas de manejo de animales domésticos con el fin de prevenir futuros eventos de riesgo. Esto se realizó a través de talleres con comunidades, guardaparques y otros actores clave. Este intercambio de experiencias entre actores de instituciones gubernamentales, sociedad civil, academia y líderes comunitarios fue clave, con el fin encontrar sinergias, replicar y dar continuidad a las actividades para prevenir y monitorear futuros eventos bajo el enfoque de One Health en Guatemala. Dentro los resultados se obtuvo: 1)La participación en talleres de One Health y prevención de enfermedades en animales domésticos de tres comunidades ubicadas en Áreas protegidas, personal técnico de gobierno y sociedad civil 2)Se formó un Comité de "Una Salud" para Guatemala, integrado por profesionales de diferentes instituciones que trabajan en salud animal, humana y ambiental. 3) 120 personas capacitadas en el uso de SMART for Health y riesgo de Tráfico de Vida Silvestre. 4)Se reforzó la capacidad de diagnóstico de los laboratorios de sanidad animal del país con la implementación de equipos de PCR y ELISA. 5)Se prestó asistencia en las comunidades con seis campañas de salud en animales domésticos. Con estos resultados es necesario, una segunda fase, que incluya la vigilancia activa, comunicación del riesgo e investigación multisectorial con base en lo aprendido durante este proyecto.

Determinantes socio-culturales de enfermedades emergentes transmitidas por vectores (ETV) en la Península de Yucatán (PY)

Fernanda Pérez-Lombardini | Mitsuri Pacheco-Zapata | Benjamin Roche | Gerardo Suzán

Ponente: Fernanda Pérez Lombardini | Mitsuri Pacheco Zapata, fernandapl.fmvz@gmail.com | mitsupacheco@gmail.com

RESUMEN: Si bien en la ecología de enfermedades se reconoce la multiplicidad de factores involucrados en la (re)emergencia de enfermedades zoonóticas, es necesario fortalecer la atención al contexto social y a los determinantes que se producen desde los grupos sociales. Consideramos clave integrar un abordaje epidemiológico sociocultural de la salud al análisis biológico de ecología de ETV para conocer las interacciones que se dan entre los contextos socioculturales y ecológicos, su expresión en estados de salud o enfermedad y sus diversas formas de atención. Se realizó un estudio contextual en 12 localidades de la PY con un gradiente de condiciones ecológicas, sociales, económicas y culturales donde se aplicaron un promedio de 30 encuestas y siete entrevistas semiestructuradas a adultos(as) y un taller participativo con niños(as) por localidad. Se obtuvieron datos sobre: percepciones de salud y enfermedad; acceso a salud y percepción de calidad del servicio; conocimiento y manejo del vector dentro del hogar; relación con animales domésticos y silvestres; relación entre personas-paisaje y su efecto en la salud. Los resultados permitieron conocer perfiles poblacionales, condiciones socioambientales, necesidades antrópicas y relaciones interespecie que construyen y transforman paisajes y contribuyen a diferentes formas de exposición a las ETV. Encontramos que plantaciones extensivas de palma de aceite, uso de agroquímicos, actividades ganaderas y forestales, cacería, contaminación de los cuerpos de agua, manejo y cría de animales de traspatio, asentamientos irregulares, falta de servicios públicos básicos, e inadecuado acceso a servicios de salud son, entre otros, factores que influyen en la relación entre personas-patógenos y procesos de salud-enfermedad y cuyo estudio es relevante para la prevención de ETV en correspondencia con los contextos a partir de la comprensión de los entramados culturales y dinámicas sociales de las poblaciones.

MODALIDAD ORAL

The rising global economic costs of *Aedes* and Aedes-borne diseases

David Roiz | Paulina Pontifes | Maria José Tolsá

Ponente: David Roiz, davidroiz@gmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Aedes borne diseases, such as dengue, chikungunya and Zika are caused by viruses transmitted by Aedes aegypti and Aedes albopictus, producing an enormous public health burden and a lesser-known economic impact. We present a reliable, up-to-date, standardized and easily updatable global-scale synthesis of studies reporting the economic costs caused by these mosquitoes, obtained from 880 records from 118 countries covering the last 45 years. From 1975 to 2020, the cumulative reported cost of Aedes and Aedes-borne diseases was at least 87.3 billion in 2022 US$ values, having increased almost 100-fold over this period, while still considerably underreported and underestimated. Costs are mainly due to dengue (80%), and do not consider the medical sequelae of chikungunya and Zika, which would bring this estimate up to US$ 310.8 billion worldwide. Damage and losses were an order of magnitude higher than investment in management, and only a modest portion of the total reported expenditure went to prevention. Effective control measures are urgently needed to safeguard global health and well-being, and to reduce the burden on human societies. Providing up-to-date data fills a gap in our limited understanding, can inform evidence-based policy and contributes towards a greater awareness of the increasing economic costs of Aedes and Aedes-borne diseases.

Spatio-temporal dynamics and drivers of Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Chile.

Claudio Azat

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

RESUMEN: Highly pathogenic avian influenza A H5N1 clade 2.3.4.4b (hereafter H5N1) is causing vast impacts on biodiversity and poultry production around the globe. In Chile, since December 2022 massive mortalities have been reported in a wide range of wild birds and marine mammals. This study describes the spatio-temporal patterns of the current epizootic of H5N1 in Chile and test ecological and anthropogenic drivers associated with outbreak occurrence. We used H5N1 cases reported by the national animal health authority from December 2022 to April 2023. These included wild bird cases confirmed through avian influenza specific real-time PCR (qPCR), obtained from passive surveillance. Data was analyzed to detect the presence of H5N1 clusters under space-time permutation probability modelling, H5N1 association between distance and days since first outbreak through linear regression, and correlation between H5N1 presence with ecological and anthropogenic variables by general linear modelling. From the 444 H5N1 identified outbreaks, involving 613 individual cases, a wave-like steady spread of H5N1 from north to south was identified, that can help predict hotspots of outbreak risk and establish targeted preventive measures. For instance, seven statistically significant clusters were identified, with the largest located in central Chile where poultry production is concentrated. Also, one of the clusters was identified near Tocopilla, where the H5N1 human case occurred time later. In addition, the presence of H5N1 outbreaks was positively correlated with bird richness and human footprint. In contrast, presence of H5N1 was negatively correlated with distance to the closest urban center. It is urgent to develop measures from a One Health approach to avoid further H5N1 spillover to domestic animals and humans. Preventive actions based on our modeling approach include developing wildlife surveillance capabilities in regions concentrating outbreaks, rapid removal and proper disposal of carcasses, and the closure of public areas reporting high wildlife mortalities.

MODALIDAD ORAL

Evidence of natural exposure to Chikungunya Virus (Alphavirus, Togaviridae) in Golden-Headed Lion Tamarin (*Leontopithecus chrysomelas*, Kuhl, 1820) from Southern Bahia, Brazil: What does this means?

Sofía Bernal-Valle | Mares-Guia, M.A.M.M. | Ramos, A.V.V | Santos, L.K.N.S.S | De Vleeschouwer, K. | Oliveira, L.C | Filippis, A.M.B. | Rego-Albuquerque, G. | Simonini-Teixeira, D.

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

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Chikunguya virus (CHIKV) (Alphavirus, Togaviridae) is an arbovirus in which non-human-primates are the main enzootic reservoir hosts in Africa. Introduced in Brazil in 2014, CHIKV is mainly maintained in urban and rural cycles, transmitted among humans by *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus* and there is scant evidence of the wild cycle, its occurrence and the implications in neotropical primates such as *Leontopithecus chrysomelas* (Kuhl, 1820), the golden-headed lion tamarin (GHLT). This endangered species is restricted to the Atlantic Forest in Southern Bahia, Brazil, where we investigated wild GHLT groups of two municipalities. Three groups in cocoa agroforests (known as cabrucas) from Ilhéus and four in anthropized forest and agroforestry fragments from Una, during 2021 and 2022. Using "Tomahawk traps", we capture and collected blood samples from 34 GLHT, among them, ten were recaptured once (N=44). Isoflurane was adopted as chemical immobilization, using the VetBag®. By Plaque Reduction Neutralization Test (PRNT 90) we found 9.1% positive samples for CHIKV, with titles of 1:10 to 1:20. One GHLT in 2021 from Una (Prevalence=5,5%), and the same animal and other two from Ilhéus, in 2022 (Prevalence=11,5%; Incidence=8,0%), demonstrating that both populations had been naturally exposed to CHIKV and were able to maintain antibodies during this time. To verify the antibodies specificity, we tested the same samples by PRNT 90 to Mayaro Virus, but all of them were negative. This is the first report of evidence of natural exposure to CHIKV in free-living GHLTs in Brazil, suggesting that the studied populations are susceptible to CHIKV. Our next steps are molecular diagnosis to identify their viremia and look for potential mosquito vectors in the region. Our findings might demonstrate another consequence of anthropic disturbances in the Brazilian Atlantic Forest, and have implications for the conservation of this endemic and endangered primate.

¿Es el visón norteamericano (Neogale vison) un potencial hospedador centinela de Mycobacterium bovis en una interface ganadera/silvestre de la región de Los Ríos, Chile?

Felipe A. Hernández | Carlos Tejeda | Brandon Aristizábal | Luis Flores | Eduardo Raffo | Manuel Moroni | Miguel Salgado

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

RESUMEN: *Mycobacterium bovis* es un agente bacteriano que afecta a una gran diversidad de mamíferos domésticos y silvestres, además de seres humanos, produciendo una infección crónica principalmente del sistema respiratorio. En el sur de Chile, esfuerzos oficiales para erradicar *M. bovis* de ganado doméstico se han basado en la detección y sacrificio de animales infectados, contribuyendo a reducir la prevalencia aparente de infección hasta 1% en rebaños de la región de Los Ríos; no obstante, en otros países existe evidencia que especies silvestres no rumiantes actuarían como reservorios de *M. bovis*, facilitando así la reintroducción del patógeno a los sistemas productivos. El visón norteamericano (*Neogale vison*) es un mustélido invasor semi-acuático ampliamente distribuido en toda la macro-zona sur del país, coexistiendo con especies domésticas, y siendo capaz de hospedar múltiples agentes infecciosos que afectan a animales y humanos. En este particular escenario infectológico, el presente estudio buscó explorar la presencia de *M. bovis* en visones capturados por un programa de control comunitario del visón (FNDR-SAG) en Los Ríos. Entre octubre 2022-mayo 2023, se recolectaron muestras biológicas (sangre; pulmón; nódulos submandibular, mediastínico y mesentérico; y heces) de 202 visones provenientes de áreas principalmente rurales. Mediante qPCR, las muestras fueron sometidas a identificación de *M. bovis* dirigido al gen RD4. De un total de 120 visones analizados, 10 (8,3%) muestras de sangre resultaron qPCR positivas, confirmándose además la presencia de ADN bacteriano en muestras de pulmón y nódulos de los mismos individuos. El resto de análisis moleculares siguen en curso (incluyendo genotipificación), además de análisis histopatológicos para la detección de lesiones patognomónicas por *M. bovis*. Los resultados presentados en este estudio mejoran el conocimiento epidemiológico de la infección por *M. bovis* en visones, donde esta especie se podría interpretar como un potencial centinela o fuente de infección para otros animales. Fondecyt 11220711.

MODALIDAD ORAL

Detección de Cryptosporidium parvum y Giardia lamblia en mamíferos silvestres en un gradiente de antropización en el Noroeste de México.

Hugo Mendoza

Ponente: Hugo Mendoza, hugomegu@gmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: *Giardia lamblia* y *Cryptosporidium parvum* son protozoarios parásitos gastrointestinales de una gran variedad de mamíferos, incluyendo a los seres humanos. Diversos estudios han destacado la importancia de la transmisión zoonótica de *G. lamblia* y *C. parvum* pero poco se sabe sobre el papel que desempeñan los animales silvestres en la dinámica de transmisión. Así mismo, se ha postulado que la antropización podría favorecer la presencia de ambos protozoarios debido a la contaminación fecal del agua como consecuencia de la urbanización y de las actividades agropecuarias, pero se desconoce si otras variables antrópicas están relacionadas. En este estudio, obtuvimos muestras fecales de roedores y carnívoros silvestres del Noroeste de México para su procesamiento mediante Inmunofluorescencia indirecta con el fin de determinar la prevalencia y la carga parasitaria de *G. lamblia* y *C. parvum*. Posteriormente, utilizando Modelos Lineales Generalizados Mixtos asociamos la prevalencia y la carga parasitaria con la diversidad de rodeores y carnívoros y con el grado de antropización de los sitios de estudio para el caso específico de roedores. Obtuvimos 723 muestras de 683 roedores de 27 especies y de 40 carnívoros de siete especies. La prevalencia de *G. lamblia* fue de 18 y 10% para roedores y carnívoros, respectivamente, mientras que la prevalencia de *C. parvum* fue de 21 y 11%, respectivamente. La prevalencia y la carga parasitaria variaron entre especies de ambos grupos de mamíferos, sin embargo las especies de roedores sinantrópicos exhibieron una mayor prevalencia (p; 0.05). La antropización se asoció positivamente con la prevalencia de ambos protozoarios (p, 0.05) pero no así con la carga parasitaria (p, 0.05). Este es el primer reporte de *G. lamblia* y *C. parvum* en roedores y carnívoros silvestres de México. Nuestros resultados sugieren que la antropización aumenta la prevalencia de patógenos zoonóticos, lo cual puede tener impactos negativos para la salud pública.

Descifrando el papel eco-epidemiológico de los coyotes en el ciclo de natural de Rickettsia rickettsii en el Noroeste de México

Andres M Lopez Perez

Ponente: Andres M Lopez Perez, andres.lopez@inecol.mx

RESUMEN: Alrededor de 100 casos de rickettsiosis en humanos se reportan cada año en la frontera Noroeste de México. Estos casos se han asociados exclusivamente a los perros y la garrapata café del perro (*Rhipicephalus sanguineus*). Dado que la *Rickettsia rickettsii*, el agente causal de dichos casos, puede estar asociado a otros hospederos y vectores, resulta importante considerar el papel de otras especies de fauna silvestre que puedan participar en el mantenimiento de los ciclos naturales. Debido a su cercanía con los perros, los coyotes podrían participar en dicho ciclo. El objetivo de este estudio fue investigar la infección y exposición de los coyotes a *Rickettsia* sp., su papel como hospederos de vectores potenciales de *R. rickettsii*, así como sus patrones de movimiento y las interacciones con los humanos y perros domésticos. Durante el 2017 y 2021 se capturaron 17 coyotes en el Noroeste de México, de los cuales se obtuvieron muestras de sangre y fueron procesadas usando PCR e inmunofluorescencia. Adicionalmente, se estudiaron los patrones de movimiento de siete coyotes por medio de collares satelitales, al tiempo que se colocaron 17 cámaras trampa para estudiar las interacciones de los coyotes y perros domésticos. Los resultados fueron: un coyote infectado con *R. rickettsii*, ocho coyotes fueron seropositivos a *Rickettsia* sp. y un coyote presento ocho garrapatas *Rh. sanguineus*. Los patrones de movimiento indican que los coyotes cercanos a asentamientos humanos usan la interfaz humano-doméstico incluyendo hasta cinco poblados, donde cada individuo se mantuvo entre 10 y 37 días en dicha interfaz. Las cámaras trampa junto con las localizaciones satelitales mostraron que los coyotes y perros se sobrelapan espacialmente en áreas donde la *R. rickettsii* es endémica. Nuestros resultados señalan que los coyotes podrían participar en la transmisión de la bacteria y el movimiento de garrapatas entre las poblaciones de perros.

MODALIDAD ORAL

Immunopathological Study of Toxoplasmosis in Brazilian Neotropical Primates: A Morphometric Comparison of Splenic lymphoid tissue in Two Genera

Marina Pellegrino da Silva | Alessandra Loureiro Morales dos Santos | Pedro Enrique Navas-Suarez | Rodrigo Albergaria Ressio | Natália Coelho Couto de Azevedo Fernandes | Juliana Mariotti Guerra | José Luiz Catão Dias

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

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Neotropical primates are highly susceptible to the protozoa *Toxoplasma gondii* and different patterns of morbidity and mortality are observed between species. Pathological changes associated with the protozoa infection are well characterized, but there's a lack of knowledge about the association between host's tecidual immune responses and susceptibility to this infection. Thus, this study aims to identify morphometric differences between the spleen white pulp of brazilian neotropical primates with toxoplasmosis. Between 2015 and 2020 biological samples of neotropical primates were sent to the Center of Pathology of Adolfo Lutz Institute (São Paulo, Brazil) for health assessment monitoring and a total of 61 animals were diagnosed with toxoplasmosis. A histomorphometric analysis using the software Olympus Stream was performed on spleen tissues of twenty-five *Callithrix spp*. (family Callithrichidae) and fourteen *Alouatta* spp. (family Atelidae) in which the protozoa was identified through immunohistochemistry. Two cases (one *Alouatta* spp. and one *Callithrix* spp.) were selected as control animals, negatively infected by *Toxoplasma gondii* and without alterations in their spleen. The white pulp areas were measured by applying the ellipse formula on the lymphatic follicles. ANOVA and Mann-Whitney Test were used for statistical comparison. The comparison between the control groups indicated that the genus *Alouatta* spp. has a higher white pulp area (125.011 ± 72.316 µm) when compared to the genus *Callithrix* spp. (31.802 ± 12.977 µm) ($p = 0,05$). The comparison between the control and infected groups indicated an increase in the size of the white pulp area of the genus *Callithrix* spp. (99.683 ± 65.113; $p = 0,05$), but not in the genus *Alouatta* spp. (180.589 ± 151.904; $p = 0,0858$). These preliminary results indicate that animals of the Callithrichidae family present a higher reactive hyperplasia of its splenic lymphatic follicles and that immunopathological differences in response to *Toxoplasma gondii* between neotropical primates families might exist.

Hemoparásitos del sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul* Lesson, 1827)

Rocío Sanhueza-Caba | Daniela Doussang | Claudio Azat

Ponente: Rocío Sanhueza-Caba, rocio.sanhuezac@gmail.com

RESUMEN: Así como otros sistemas hospedero-parásito, los anfibios y sus hemoparásitos pueden ser utilizados como indicadores de salud de los ambientes que habitan. En condiciones naturales, es esperable que pocos individuos estén libres de parásitos, y que en la mayoría la parasitemia sea leve a moderada, sin signos clínicos evidentes; expresándose una alta variación y pocos individuos con parasitemia muy alta. Sin embargo, distintos estresores ambientales pueden alterar estas dinámicas, resultando en efectos a nivel individual, y, finalmente a nivel poblacional, cambiando la composición y abundancia de la fauna parasitaria y el estado de salud de los hospederos. El objetivo de este estudio es identificar mediante morfología y técnicas moleculares los hemoparásitos presentes en diversas poblaciones del sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul*), anfibio con una amplia distribución latitudinal en Chile, y explorar la existencia de relaciones con parámetros individuales (e.g. sexo, condición corporal) y características del hábitat (e.g. tipo de humedal, vegetación, nivel de antropización). Como resultados preliminares, se describe la ocurrencia de hemoprotozoos en 20 localidades entre el extremo norte y sur de Chile (22º-43ºS). En cada localidad se realizó una búsqueda activa y captura manual de individuos, sexado, registro morfométrico, y liberación en el mismo sitio de captura. Una muestra de sangre se obtuvo mediante punción de la vena facial y colecta en tubo capilar heparinizado, realizándose frotis in situ, fijados luego en etanol y teñidos con Giemsa para posterior análisis microscópico. A la fecha se registra la presencia de 3 géneros: *Hepatozoon* sp., *Dactylosoma* sp y *Lankesterella* sp., con una prevalencia total cercana al 39%; siendo los dos primeros los parásitos más frecuentes, en distintos estados de desarrollo intra y extracelulares. Esta información contribuirá al conocimiento de la fauna parasitaria de anfibios y al monitoreo de salud de sus poblaciones y de los ecosistemas que habitan.

MODALIDAD ORAL

Microbioma de la piel del sapito de cuatro ojos en un amplio rango latitudinal: en la búsqueda de probióticos para mitigar la Quitridiomicosis.

Francoise Cuadra | Pamela Thomson | Dian Chavarria | Claudio Azat

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

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: La mayoría de los estudios que describen la microbiota de la piel en entornos naturales han evaluado cómo los factores ambientales influyen en su diversidad y han descubierto que, aquellos con un mayor efecto modulador se relacionan con la temperatura y el tipo de hábitat, por lo que no es raro que la composición de estas comunidades microbianas fluctúen entre poblaciones ubicadas en puntos geográficos distantes. Sin embargo, la mayoría de estos estudios describen a las comunidades bacterianas, mientras el micobioma de la piel de los anfibios se encuentra escasamente descrito. Chile provee una oportunidad única para el estudio de las variaciones en la composición de la microbiota al contar con diferentes ecorregiones y además por contar una especie de anfibio con una distribución considerablemente amplia; el sapito de cuatro ojos (*Pleurodema thaul*). El objetivo de este estudio fue comparar la diversidad del micobioma de la piel de *P. thaul* a lo largo de un gran gradiente latitudinal que consideró sitios con condiciones climáticas muy diversas. Se escogieron 15 puntos de muestreo a lo largo de Chile, desde Atacama hasta Los Lagos abarcando un rango de 1600 kilómetros. Mediante caracterización macro y micromorfológica, asociado a secuenciación parcial, se identificaron diferentes géneros de hongos cultivables obtenidos desde la piel del sapito de cuatro ojos. En total se identificaron 20 géneros de los cuales, varios son reconocidos en la literatura por su potencial antifúngico; entre ellos se encuentran *Trichoderma* y *Penicillium*, además de otros con efectos bactericidas o nematodicidas. Conocer la diversidad de especies fúngicas de localidades con distintas condiciones ambientales que puedan brindar defensa contra la quitridiomicosis resulta clave para el desarrollo de estrategias de bioaumentación para combatir los efectos de "*Batrachochytrium dendrobatidis*" en especies de anfibios susceptibles contra este hongo patógeno.

Establecimiento de una línea base en la medicina de la conservación en comunidades coralinas del Pacífico de Costa Rica

Gianmarco Bettoni Rodríguez | Tatiana Villalobos | Joanie Kleypas | Katherine Evans | Diego Cantillano | Alejandra Calderón

Ponente: Gianmarco Bettoni Rodríguez, gianmarco.bettoni@autonoma.cat

RESUMEN: Recientemente el estudio de las enfermedades y procesos patológicos en los corales duros (Anthozoa: Scleractinia) formadores de arrecifes se han empezado a entender con más detalle debido a que estos han tenido un impacto en su conservación. Costa Rica posee comunidades coralinas en ambos litorales de las cuales hay pocos estudios con respecto a su patología y epidemiología, siendo la costa Pacífica la más escasa con respecto a esta información. Durante los meses de septiembre a noviembre del 2020, se realizaron expediciones en dos zonas marinas del Pacífico sur de Costa Rica: Golfo Dulce y el Parque Nacional Manuel Antonio. El estudio pretendió establecer una línea base en la medicina de la conservación de las comunidades coralinas de Costa Rica a traves de patología descriptiva a campo donde se realizaron buceos exploratorios con SCUBA en los arrecifes para caracterizar y documentar las lesiones in situ. Se analizaron 40 colonias con lesiones entre los dos sitios (18/40 del Parque Nacional Manuel Antonio y 22/40 del Golfo Dulce) repartidas entre las especies *Porites* sp., *Pocillopora damicornis* y *Pavona gigantea*. Con el fin de categorizar las lesiones, estas se dividieron en lesiones de etiología evidente y desconocida, siendo las evidentes visibles macroscópicamente como sobrecrecimiento algal, daño por sedimentación, decoloración por crecimiento de tejido y lesiones por animales formadores de tubos. En total 53% (21/40) de las colonias tenían lesiones categorizadas como de etiología desconocida, mientras 48% (19/40) eran de etiología evidente. En el Parque Nacional Manuel Antonio el 50% (9/18) presentó lesiones de evidente etiología comparado al 45% (10/22) en Golfo Dulce. Es necesario continuar con los esfuerzos para realizar al menos la inspección de lesiones en las comunidades coralinas para evaluar su respuesta a distintos estresores ambientales y prevenir la presentación de eventos que comprometan su salud poblacional y estado de conservación.

MODALIDAD ORAL

Molecular and pathological investigation of herpesvirus in baleen whales stranded on the Brazilian coast.

Vanessa dal Bianco | José Luiz Catão-Dias | Roberta Zamana-Ramblas | Samira Costa-Silva | Ana Carolina Ewbank | Adriana Castaldo Colosio | Hernani da Cunha Gomes Ramos | Marta J. Cremer | Jenyffer V. Vieira | Carlos Sacristán | Aricia Duarte-Bevenuto

Ponente: Vanessa dal Bianco, vanessabianco@usp.br

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Cetaceans (order Cetartiodactyla) are marine mammals divided into the suborders Odontoceti and Mysticeti, considered bioindicators of ecosystem health. Mysticeti (baleen whales) are large mammals, composed of at least 13 species, of which eight have been reported in Brazilian waters. According to the IUCN, four of the species present in Brazil are at risk of extinction and two are classified as data deficient; however, knowledge about infectious diseases in mysticetes is scarce. Herpesviruses (HV) are DNA viruses able to establish latency, widely reported in odontocetes, but with unclear epidemiological dynamics in mysticetes. Thus, this study sought to molecularly investigate HV occurrence in Mysticetes. We selected 53 baleen whales stranded of northeastern (44/53) and southern (9/53) Brazilian coast, comprising four species (southern right whale [*Eubalaena australis*, n=1], common minke whale [*Balaenoptera acutorostrata*, n=1], Bryde's whale [*Balaenoptera brydei*, n=2] and humpback whale [*Megaptera novaeangliae*, n=49]). DNA was extracted with commercial kits (n = 173) from all frozen available tissues collected in standardized necropsies (i.e., lungs, kidney, bladder, cerebrum, lymph nodes, heart, skin), and a pan-nested-PCR targeting the DNA polymerase gene (250 bp) was performed. Herpesvirus DNA was detected in 13/49 (26%) humpback whales, 1/2 common minke whales, and 1/1 southern right whale, in lungs (11/48), kidney (5/38), lymph nodes (2/9), heart (2/25), bladder (1/18), skin (1/22). To our knowledge, this is the largest herpesvirus surveillance study performed in baleen whales worldwide. Furthermore, this is the first detection of herpesvirus in southern right whales and the second in humpback whales, expanding the knowledge of the viruses circulating in Mysticeti. Ongoing studies will evaluate under a histopathological approach all positive cases, perform broad-spectrum PCRs targeting the glycoprotein B gene and do the phylogenetic analyses of the retrieved sequences.

Microplásticos en las heces del tapir centroamericano (*Tapirus bairdi*i) de la Selva Maya

Jonathan Pérez Flores | Jaime Rendón von Osten | Merle Borges Ramírez

Ponente: Jonathan Pérez Flores, johnspf77@gmail.com

RESUMEN: La contaminación ambiental por microplásticos (MPs) es un problema mundial derivado de la producción y uso desenfrenado de plásticos. Los MPs son pequeños fragmentos de plástico de entre 5 y 0.2 mm de tamaño y han sido encontrados en una gran variedad de ecosistemas, desde el Ártico hasta en las profundidades de los océanos. A pesar de que se sabe que los MPs son perjudiciales para la salud de la fauna silvestre, poco se conoce sobre su presencia en mamíferos terrestres de América. El objetivo del estudio fue detectar la presencia de MPs en heces de tapir centroamericano de la región de Calakmul, Campeche, México. Un total de 129 muestras de heces fueron recolectadas durante los años 2017 a 2018, 57 y 72 muestras durante la temporada de lluvias secas, respectivamente. Las heces fueron mantenidas en AFA (ácido acético, formaldehido y alcohol) hasta su análisis. Las heces se pesaron, tamizaron (malla de 5 a 0.2 mm) y las partículas de plástico detectadas se identificaron mediante un FTIR. El 72% (n= 93) de todas las muestras presentaron MPs con un total de 743 partículas (5.75 ± 8.73 MPs/heces) en ambos años. En 2017 se encontró un total de 241 MPs con un promedio de 8.31 ± 6.54 MPs/heces y para el 2018 se tuvo un total de 502 MPs con un promedio de 6.97 ± 10.01 MPs/ heces, lo cual indica un incremento de poco mas de 108%. Se identificaron 14 polímeros diferentes, siendo los más abundantes en ambos años el acetato de vinilo etileno (EVA), polipropileno (PP), poliéster (PES) y el metacrilato de polimetilo (PMMA). El estudio demuestra que hay microplástico en suelos aún en reservas y áreas muy poco pobladas y que los organismos que habitan en ellas ingieran estos compuestos lo cual representa un riesgo para los mismos.

MODALIDAD ORAL

Primer caso de un tapir brasileño (*Tapirus terrestris*) de vida libre con sororeactividad para estomatitis vesicular en la Amazonía

Fernanda Cristina Jacoby | Alexandra Tiso Cumerlato1 | Adriana Hellmeister de Campos Nogueira | Eliana De Stefano | Liria Hiromi Okuda | Emília Patrícia Medici

Ponente: Fernanda Cristina Jacoby, fernandajacoby@ipe.org.br

RESUMEN: La estomatitis vesicular (EV) es causada por un virus de la familia Rhabdoviridae, que afecta a biungulados, ungulados y ocasionalmente al ser humano. Su incidencia es estacional, empezando en el verano. El objetivo de este estudio es describir el primer caso de un tapir brasileño (Tapirus terrestris) con anticuerpos contra el serotipo Indiana 2 (COCAL-COCV) del virus de la EV mediante la prueba de neutralización viral (VN). Se analizaron 18 muestras de suero de tapires de vida libre del bioma Amazónico y solo un individuo presentó anticuerpos anti-COCV, con un título de 1:128. Treinta días después, se procedió a la recaptura del animal y la prueba cuantitativa de VN mostró que el animal presentó en el primer análisis un título de 1,8 (Log10 - recolección 21/08/2022) y en el segundo análisis un título de 2,4 (Log10 - recolección 25/10/2022). No se detectó ningún animal con anticuerpos contra el serotipo Alagoas (VSAV). El animal no presentaba lesiones cutáneas sugestivas de enfermedad vesicular, solo manchas oscuras en la cavidad oral, cerca de los incisivos superiores (incisivos ausentes), y áreas enrojecidas en la mucosa de la probóscide. Considerando que la variación en el título de anticuerpos fue de 2 Log y que no presentaba signos clínicos, esto indica que este animal puede haber sido expuesto al virus de la estomatitis vesicular en algún momento. También debemos tener en cuenta la posibilidad de una reacción cruzada con algún otro virus en los exámenes. Destacamos que la INCAB-IPÊ monitorea tapires de vida libre desde 1996 (~200 individuos) en la Amazonía, el Cerrado, la Mata Atlántica y el Pantanal, y este fue el primer caso de estomatitis vesicular. Este estudio resalta la importancia del monitoreo a largo plazo de enfermedades en animales silvestres, contribuyendo a la vigilancia sanitaria de las poblaciones en vida libre.

Turismo y animales silvestres: una asociación con potencial epidemiológico para facilitar el Spill-over

Arrabal Juan Pablo | Costa Sebastián | Lamattina Daniela | Salas Martín | Paviolo Agustín | Tauro Laura

Ponente: Juan Pablo Arrabal, jparrabal.vet@gmail.com

RESUMEN: El crecimiento del turismo en áreas naturales se convirtió en un factor que favorece la transmisión de enfermedades entre humanos y animales. Dicha actividad es promocionada como una manera sustentable de generar ingresos públicos/privados, y es una herramienta importante para la conservación de áreas protegidas. Asimismo, el turismo no controlado puede generar cambios en el comportamiento de animales silvestres y efectos indeseados como modificaciones en la dieta natural, dependencia hacia el alimento antrópico, agresividad, atracción de depredadores, ataques a personas y transmisión de enfermedades. Estas interacciones pueden observarse entre los animales y turistas que visitan el Parque Nacional Iguazú (PNI) en Misiones, los cuales ascienden a más de 1,5 millones de personas anuales. Los coatíes son omnívoros, oportunista, gregarios y prolíferos, lo que favoreció el asentamiento de una gran población en el PNI. El estudio sanitario de estas poblaciones demostró la existencia de patógenos zoonóticos y de relevancia para la salud de la fauna silvestre como: *Leptospira* sp. (5 serovares), *Toxoplasma* sp., *Rickettsia parkeri*, Microfilarias, *Brugia* sp., Virus ilheus y huevos de helmintos (*Ancylostoma* sp., *Toxocara* sp., *Acantocephalos*, *Hymenolepis* sp., *Neoncicola potosi*, *Pseudophilideo*, *Trichurideos* sp, *Atriotaenia sandgroundi*, *Spirurida*, *Strongylid*, *Eimeria nasuae*, *Monocystis* sp., *Aelurostrongylus* sp.). El conjunto de estos factores podría desencadenar la emergencia de enfermedades de riesgo para la salud pública y para la conservación de animales silvestres, ya que los coatíes son presas frecuentes de pumas (*Puma concolor*), jaguares (*Panthera onca*) y ocelotes (*Leopardus pardalis*). Asimismo, los coatíes podrían convertirse en puentes epidemiológicos permitiendo el salto interespecífico de patógenos y el “Spill-over” en todos los sentidos. En este trabajo proponemos a los coatíes del PNI como modelo para el estudio de patógenos con potencial riesgo epidemiológico, basándonos en su ecología y resultados preliminares de detección de microorganismos patógenos.

MODALIDAD ORAL

Novel herpesviruses in Neotropical carnivores of Brazil

Ana Carolina Ewbank | José Luiz Catão-Dias | Pedro Enrique Navas-Suarez | Aricia Duarte-Benvenuto | Roberta Zamana-Ramblas | Eduardo Ferreira-Machado | Henrique Christino Lial | Pablo Ibañez-Porras | Irene Sacristán | Carlos Sacristán

Ponente: José Luiz Catão-Dias, carlosvet.sac@gmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: The knowledge regarding infectious agents affecting wildlife is crucial for species' conservation. The growing anthropization of natural environments facilitates the spill-over of pathogens from domestic cats and dogs into wild carnivores. We hypothesized that herpesviruses – usually highly species-specific agents but capable of crossing over between and among domestic and wildlife species - are present in wild Neotropical carnivores. Herein, we used DNA polymerase and glycoprotein B broad-spectrum PCRs, and sequencing to molecularly survey the presence of herpesviruses in spleen and/or lung samples of 53 wild Neotropical carnivores of Brazil, comprising the families Canidae, Felidae, Mustelidae and Procyonidae. The percentage of PCR-positives was 28.3% (15/53). An alphaherpesvirus was found in a neotropical river otter (*Lontra longicaudis*, 1/1), a betaherpesvirus in a lesser grison (*Galictis cuja*, 1/3), and eight different gammaherpesviruses nucleotide sequence types in neotropical otter (1/1), lesser grison (1/3), crab-eating raccoons (*Procyon cancrivorus*, 8/9), South American coati (*Nasua nasua*, 1/2), southern tiger cat (*Leopardus guttulus*, 1/2), jaguarundi (*Puma Puma yagouaro*, 1/5), and ocelot (*Leopardus pardalis*, 1/10). None of the tested canids was herpesvirus-positive. This is the first report of herpesvirus in procyonids, and also in jaguarundi, southern tiger cat, lesser grison and neotropical river otter. This is the largest herpesvirus surveillance study in neotropical carnivores to this date, broadening the host range of herpesviruses in carnivores. The genetic analysis showed high diversity of herpesviruses including a novel alphaherpesvirus in a neotropical river otter, a new betaherpesvirus in a lesser grison and a previously unreported gammaherpesvirus species in crab-eating raccoon, South American coati (likely two different species), neotropical otter and lesser grison. The potential transmission of herpesviruses between domestic and wild carnivores, as well as the effect of the landscape anthropization in the interspecific transmission of these pathogens should be further investigated.

Investigação molecular de agentes virais respiratórios em mamíferos selvagens de um centro urbano no Brasil

Bruna Hermine de Campos | Daniel Oliveira dos Santos | Nadja Simberio Hemetrio | Janaina Ribeiro Duarte | Caio De Castro Cunha Figueiredo | Vinícius Henrique Barbosa Amaral | Renato de Lima Santos | Alana Vitor Barbosa da Costa | Talita Emile Ribeiro Adelino | Felipe Campos de Melo Iani | Luiz Carlos Junior Alcantara | Érica Azevedo Costa | Marcelo Pires Nogueira de Carvalho | Giliane de Souza Trindade | Ana Gabriella Stoffella Dutra | Karolina Lopes Dias | Pedro Henrique Bastos e Silva

Ponente: Bruna Hermine de Campos, brunahermine.campos@hotmail.com

RESUMEN: Espécies generalistas como saguis (*Callithrix penicilata*), quatis (*Nasua nasua*) e gambás (*Didelphis* sp.), representam importantes grupos sentinelas de zoonoses de interesse para a saúde pública, por possuírem alta plasticidade as alterações antrópicas e susceptibilidade a uma ampla gama de patógenos. O objetivo do presente estudo foi investigar a presença de vírus respiratórios em mamíferos silvestres dos gêneros *Callithrix, Nasua* e *Didelphis* capturados em áreas de mata presentes na cidade de Belo Horizonte, Minas Gerais. Os animais foram capturados em armadilhas Tomahawk ® e de gaiola distribuídas em locais georreferenciados, após aprovação de licenças éticas. Os procedimentos foram realizados por profissionais da medicina veterinária utilizando equipamentos de proteção individual. Os animais sob anestesia foram submetidos à coleta de amostras biológicas, avaliação clínica e identificação individual com implante de microchip e brinco numerado na espécie N. nasua. As amostras de swab de orofaringe foram coletadas no ano de 2022, preservadas em PBS 1X suplementado com penicilina e estreptomicina a 1% e transportadas sob refrigeração para armazenamento a -80ºC. As extrações de RNA foram realizadas utilizando o Extracta Kit Fast – DNA e RNA Viral (MVXA-P096 FAST) e a detecção direta de 15 vírus respiratórios humanos por qRT-PCR. Amostras de 58 quatis, 31 saguis e 15 gambás coletadas entre abril e setembro foram analisadas. Apenas três (2,88%) animais da espécie N. nasua, capturados nos meses de julho e agosto, apresentaram positividade nas análises para a presença do Rhinovírus humano com valores de Ct de 33.6; 35.9 e 39. Nenhum animal apresentou sinal clínico respiratório. Os resultados encontrados sugerem a eliminação assintomática do agente pelos quatis e possível contato a partir de fontes antrópicas, por ser o agente viral mais comum associado a infecções no trato respiratório superior em humanos e possuir maior circulação em períodos mais frios do ano (junho- setembro).

MODALIDAD ORAL

Estudio del perfil bioquímico y hematocrito de tortugas verdes (*Chelonia mydas*) y golfinas (*Lepidochelys olivacea*) en comparación con sus alteraciones físicas, en el Centro de Rehabilitación de Fauna Marina del Parque Nacional Machalilla.

Kamila Escobar | Susana Gallo

Ponente: Kamila Escobar, escobarkamilasscc@gmail.com

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: Las tortugas marinas están en peligro de extinción por múltiples factores antropogénicos, por cuanto es prioritario establecer protocolos de rehabilitación que incluyan pruebas de laboratorio como parte de la medicina basada en evidencia. Este estudio buscó establecer una relación entre el perfil bioquímico y hematocrito con las alteraciones físicas de presentación frecuente en tortugas marinas verde (*Chelonia mydas*) y golfina (*Lepidochelys olivacea*) que llegaron al Centro de Rehabilitación de Fauna Marina del Parque Nacional Machalilla entre enero 2021 a enero 2022. Este es el primer estudio que describe las anomalías fisiológicas observadas frecuentemente en tortugas que varan en las costas del Ecuador. Se tomaron los datos de 69 fichas clínicas de individuos subadultos, se agruparon según su alteración física: ahogo, ingestión de cuerpos extraños, lesión músculo esquelética y alteraciones de flotabilidad. Se calculó la media y desviación estándar para comparar con rangos normales, ANOVA y Tukey con un p valor ≤ 0.05 para identificar diferencias significativas entre alteraciones físicas y especies evaluadas. En tortugas verde hubo una relación entre glucosa con alteración de ahogo y sodio con alteración de flotabilidad y ahogo; ambos parámetros presentaron variaciones individuales. En tortugas golfina se observó una relación entre AST, CK, Glu, Alb y ratio A/G con la alteración de ahogo. Se concluye que es necesario realizar un hematocrito y un perfil bioquímico completo que permitan decidir cuál será el manejo óptimo en el proceso de estabilización y rehabilitación de cada tortuga según la alteración física y la biología de cada especie.

Metabolomic changes induced by the immune activation in a long-distance migratory shorebird.

Pablo Oyarzún Andrade | Claudio Henriquez | Rafael Burgos | Pablo Alarcon | Josefina Gutierrez | Jonathan Vergara | Juan Navedo | Claudio Verdugo Reyes

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

RESUMEN: Activation of the immune response against pathogens confers several benefits to the survival and fitness of the host and is triggered by a cascade of biochemical signals driven mainly by the release of cytokines. However, this must be accomplished by reallocating energetic resources from other biological functions, incurring physiological changes, and affecting host life-history traits. In the context of avian migration, one of the most energy-demanding activities in the animal kingdom, individuals constantly encounter new antigens, as they accomplish large movements across contrasting environments. Thus, migratory species should balance immune activation without affecting migration performance. However, the biochemical mechanisms associated with energy metabolism during the activation of immune responses in migratory avian species remain unknown. The objective of our study was to evaluate the metabolomic changes associated with immune activation in a trans-hemispheric migratory shorebird, Hudsonian godwit (*Limosa haemastica*), using an experimental immune challenge approach. We quantitatively analyzed, by gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS), the metabolic pathways changes in 16 individuals exposed to a new antigen during the acute and chronic immune phase responses. In individuals immunologically challenged there was an increase in metabolites associated with lipid catalytic pathways for the generation of ATP and catalytic processes of the proteins and carbohydrates to obtain precursor molecules for the immune system components. Further analyses will be presented at the time of the conference. This preliminary information is relevant since large-distance migratory birds, widely claimed as spreaders of several pathogens, facing new antigens generate several metabolic changes that are expected to be energetically expensive.

MODALIDAD ORAL

Evaluación del fitness a partir de la eco inmunología: un estudio experimental en aves.

Katherine Peña

Ponente: Katherine Peña, Katherine.pena@udea.edu.co

MODALIDAD ORAL

RESUMEN: La eco-inmunología estudia la variación de la inmunidad y explica las respuestas de los organismos frente a patógenos basados en trade off, mientras son enfrentados a retos impuestos por las fuerzas evolutivas. La hipótesis de la desventaja inmunocompetente plantea que altos niveles de la hormona testosterona estimula el desarrollo de señales sexuales mientras reduce la respuesta inmune, donde solo individuos de alta calidad pueden activar el sistema inmune mientras invierten energía en la expresión de las señales sexuales. En la respuesta inflamatoria el aumento de la concentración de la citoquina factor de necrosis tumoral-α (TNF-α) y de heterófilos y linfocitos, son indicadores de la activación de la inflamación aguda. En este estudio se realizó un reto experimental para generar una respuesta inflamatoriaaguda con fitohemaglutinina (PHA), evaluando la respuesta inflamatoria en 15 canarios (*Serinus canaria*) durante 3 momentos: Previo al reto con PHA, 24 horas y 20 días después del reto, midiendo: ratio Heterófilo/linfocito, concentración de TNF- α , testosterona, coloración de plumaje basado en carotenos y desempeño del canto. Los resultados indican que al reto con PHA la concentración de testosterona y el TNF- α y la fijación de carotenos en plumaje no se alteran significativamente, el ratio H/L fue más alto en los individuos retados con PHA, en desempeño del canto las sílabas especiales, el tamaño de la estrofa y la frecuencia máxima de la nota más frecuente disminuyeron significativamente después de del reto con PHA. Demostrando que la hipótesis de la desventaja inmunocompetente funciona para los resultados de esta investigación en la otra vía, la activación del sistema inmune reduce la expresión de los caracteres sexuales secundarios asociados al canto sin ser dependientes de las concentraciones de la hormona testosterona, este estudio demuestra que la inflamación genera un trade off entre la inmunocompetencia y las señales sexuales.

Creciente Amenaza de la Resistencia Antimicrobiana a la Conservación de la Fauna Silvestre Neotropical. ¿Qué Estamos Haciendo Mal?

Danny Fuentes-Castillo

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

RESUMEN: Globalmente, animales silvestres han sido catalogados como excelentes bioindicadores de evolución y diseminación de bacterias resistentes a antimicrobianos (BRA) o sus determinantes de resistencia en el medioambiente. Su rol como reservorios y diseminadores de la resistencia antimicrobiana (RAM) ha sido ampliamente discutido, sobre todo en especies migratorias. Sin embargo, crecientes reportes demuestran que la RAM está amenazando fuertemente la conservación de especies. Este trabajo busca recopilar información en que fauna silvestre neotropical se ha visto afectada por RAM para poder discutir factores de riesgo, falta de información y protocolos a nivel clínico-veterinario, y deficiencias a nivel social y político respecto a la RAM y conservación de especies. En este sentido, animales silvestres en categoría de conservación o con poblaciones decrecientes como *Mergus octosetaceus*, *Tapirus terrestris*, *Chelonia mydas*, *Pudu puda*, entre otros, han sido víctimas fatales de la RAM. Si bien, animales silvestres no son enfrentados comúnmente a antibióticos empleados en ambientes clínicos, se han detectado potenciales puntos críticos donde éstos estarían adquiriendo infecciones por BRA desde ambientes antrópicos. De esta forma, vertederos, rellenos sanitarios, desagües de desechos domiciliarios, entornos de granjas de producción animal y ambientes cercanos a hospitales, se han convertido en hotspots de BRA donde los animales las pueden adquirir. Por otro lado, es en centros de rehabilitación de fauna silvestre (CRFS) donde se evidencian infecciones por bacterias patogénicas-resistentes; pero lamentablemente, no siempre estas situaciones son investigadas microbiológicamente, y menos aún reportadas para comenzar a conocer la real magnitud de esta amenaza. Peor incluso, animales podrían colonizarse con BRA de importancia clínica en CRFS y diseminar estos patógenos al medioambiente luego de su liberación. Se debe comenzar a tomar en cuenta la importancia de la RAM como desafío a la conservación de especies para la toma de decisiones a nivel social, médico y de políticas públicas.

MODALIDAD ORAL

CARTEL CIENTÍFICO

Evidencia de anticuerpos SARS-Cov-2 en roedores silvestres de la península de Yucatán.

Ana Laura Vigueras Galván | Rosa Elena Sarmiento Silva | Karen Cortés Sarabia | Oscar del Moral Hernández | Benjamin Roche | Audrey Arnal | Gerardo Suzán

Ponente: Ana Laura Vigueras Galván, ana.vigueras09@gmail.com

RESUMEN: Tras la emergencia del SARS-Cov2 se demostró que la infección con este virus puede transmitirse de humanos hacia otras especies. Nuestro objetivo fue identificar roedores silvestres seropositivos a SARS-CoV2 en la península de Yucatán. Los muestreos se realizaron entre el 2021 y 2022 en 13 localidades, en diferentes ambientes entre conservados y urbanos y se utilizaron trampas tipo Sherman para su captura. Se colectó sangre de roedores y se detectaron anticuerpos mediante una ELISA indirecta empleando como antígeno cinco péptidos derivados del dominio RBD de la proteína de Spike del coronavirus. Se registraron un total de 181 roedores pertenecientes a 13 especies de tres familias, se obtuvo una seroprevalencia de 22.65% distribuida en 8 localidades y 6 especies. La mayor seroprevalencia se obtuvo en roedores sinantrópicos de las especies *Heromys gaumeri* con un 47.5% seguido de los roedores de la especie *Sigmodon toltecus*. Nuestro estudio es el primer reporte de la infección con SARS-Cov2 en roedores silvestres con un alto porcentaje de seroprevalencia. Es importante evaluar la capacidad de estas especies de mantener la circulación del virus en diferentes ambientes. Es posible que los eventos que pudieron favorecer la entrada y propagación del virus en las comunidades de roedores silvestres estén ligados a las actividades humanas dentro de los diferentes ambientes y a la tolerancia de especies sinantrópicas a las actividades humanas y a las altas tasas de contacto con el ser humano. Si bien es posible que la transmisión del SARS-CoV2 a los roedores haya sido directamente de los humanos, no se descarta la posibilidad de que existan otras especies que estén funcionando como intermediarias.

Morfometría filogenética aplicada a la caracterización de poblaciones de reservorios de virus zoonóticos

Analorena Cifuentes-Rincón | Luis Emilio Escobar

Ponente: Analorena Cifuentes-Rincón, lorenacifuentesmvz@gmail.com

RESUMEN: Datos morfológicos son utilizados para identificar cambios evolutivos. La descripción e interpretación de datos morfológicos ayuda a detectar señales evolutivas antes de utilizar otras herramientas más especializadas como análisis moleculares. Datos morfométricos son de bajo costo y ampliamente accesibles y son aplicados rutinariamente en estudios de biología comparativa, pero raramente en ecología de enfermedades. Los datos morfométricos permiten agrupar y diferenciar de forma robusta grupos taxonómicos, pero su utilización en estudios poblacionales es más modesta. Realizamos un estudio morfométrico de *Desmodus rotundus*, uno de los reservorios de rabia, la enfermedad zoonótica más importante de América Latina. Nuestro objetivo fue identificar si existe una correlación entre el ambiente y los caracteres fenotípicos del reservorio que pueden influir en los riesgos de transmisión desde animales silvestres hacia animales domésticos o humanos. Capturamos 75 individuos *D. rotundus* en diferentes elevaciones de Colombia, en los que colectamos cinco medidas morfométricas a través de un paquímetro digital y una pesola. Las medidas correspondieron a: peso, longitud de cabeza, cuerpo, tibia, antebrazo y oreja. Estas medidas fueron utilizadas para establecer la distancia filogenética entre los diferentes individuos capturados. Comparamos la distancia filogenética por análisis de clústers con patrones de vegetación del índice Enhanced Vegetation Index obtenidos a través de sensores remotos a una escala de 1 km durante el mes de muestreo (Junio 2023). Nuestros datos preliminares advierten que la cobertura vegetal, como una aproximación de la disponibilidad de alimento, se asocia con el tamaño de los individuos. Los resultados sugieren que la ecología y la sistemática pueden usarse conjuntamente para guiar hipótesis epidemiológicas. Adicionalmente, encontramos que información de patrones evolutivos a nivel de población puede ayudar a anticipar en dónde y cuándo la actividad de *D. rotundus* puede ser mayor, lo que es fundamental para identificar zonas de alto riesgo de transmisión de patógenos.

CARTEL CIENTÍFICO

Zoonosis: Socioeconomic, Cultural and Environmental Connections in the Mexico-US border

Andrea Chaves | Andrés M. López-Pérez | Milena Arguello-Sáenz | Adriana Marlen Fernández-González | Angel Herrera-Mares | Hugo Mendoza1 | Gerardo Suzán

Ponente: Andrea Chaves, andrea.chavesramirez@ucr.ac.cr

RESUMEN: The emerging risks facing humanity, including global change and the recent SARS COV 2 pandemic, have highlighted the need to address and prevent these challenges through multilateral preventive strategies. Unilateral strategies have evidenced differences between countries, especially where economic, health access and environmental policies differ the most. The Mexico-United States border is a unique example of socioeconomic, cultural and health access differences that present challenges for the systems of both countries that must be addressed bilaterally and with comprehensive approaches. In this context, we describe the different socio-ecosystemic contexts of the shared border and present different diseases transmitted, and different zoonoses that affect animal and ecosystemic public health that must be addressed under collaborative schemes that can develop preventive policies under the One Health approach, with emphasis on the Mexican zone. We describe the social determinants of health issues for the border, but we add ecological and evolutionary contexts little studied in classical epidemiological approaches. Strategies towards One Health require international and multidisciplinary approaches that strengthen diagnostic capabilities, recognizing socio-cultural, economic and environmental aspects. Recognizing these aspects will allow the establishment of joint monitoring, prevention, and mitigation strategies with benefits for both countries.

Diseño e implementación de herramientas moleculares para el diagnóstico de *Chlamydia* spp en reptiles silvestres bajo cuidado profesional en los Zoológicos de la Ciudad de México

Blanca Valladares Riveroll | Mariela Teresa Díaz Negrete | Fernando Gual Sill | Gabriela E Palomares Resendiz | Efrén Díaz Aparicio | Eder Jair González Ortíz

Ponente: Blanca Valladares Riveroll, blanca.valladares.sedema@gmail.com

RESUMEN: El género *Chlamydia* está integrado por bacterias intracelulares obligadas; las especies de este género son patógenas, tanto en humanos, como en especies domésticas y silvestres. Las aves silvestres se consideran reservorios potenciales de *Chlamydia*, en las cuales ha sido encontrada en al menos 70 especies de aves. Recientemente, en reptiles bajo cuidado profesional se han identificado nuevas especies de *Chlamydia*, asociadas a cuadros clínicos crónicos y altos niveles de mortalidad. No obstante, existe poca información sobre la presencia y susceptibilidad de clamidiasis en reptiles, así como de los mecanismos de transmisión y su potencial zoonótico. Bajo este panorama, surge la necesidad de desarrollar técnicas diagnósticas sensibles y específicas, que identifiquen la presencia de este patógeno en fauna silvestre, contribuyendo a la conservación de estas especies. En este trabajo se diseñó y estandarizó una PCR punto final, que identifica un fragmento del gen ARNr (IGS-S) presente en la familia Chlamydiaceae, usando los iniciadores descritos por Borel, 2006. Asimismo, se implementó una metodología para la extracción de ADN a partir de muestras de hisopado cloacal de reptiles bajo cuidado profesional, en el Laboratorio de Genómica de la Conservación de los Zoológicos de la Ciudad de México. Mediante esta prueba se obtuvieron productos de amplificación de 352 pb, correspondientes a la región IGS-S de *Chlamydia* spp. Dichos fragmentos, fueron purificados para obtener su secuencia y éstas fueron alineadas por medio de la base de datos BLAST (Basic Local Aligment Search Tool) del NCBI (National Center of Biotechnology), presentando una homología con *Chlamydia* spp. El establecimiento de esta prueba PCR permitirá identificar la presencia de clamidiasis en reptiles, brindando estrategias para el control y monitoreo de esta enfermedad, a fin de fortalecer el manejo de estas especies en los zoológicos, en apoyo a la conservación de la biodiversidad.

CARTEL CIENTÍFICO

Mortalidad y patología de la subespecie de manatí antillano (*Trichechus manatus manatus*) en Puerto Rico

Carla I. Rivera-Pérez | Dr. Antonio A. Mignucci-Giannoni | Dr. Mark A. Freeman | Dr. Michelle M. Dennis

Ponente: Carla I. Rivera-Pérez, CarlaRiveraPerez@students.rossu.edu

RESUMEN: El manatí antillano o caribeño (*Trichechus manatus manatus*), subespecie del manatí de las Indias Occidentales (*T. manatus*), es un mamífero acuático que se alimenta de plantas marinas y de agua dulce y está en peligro de extinción en Puerto Rico y otros países del Caribe. Los manatíes actúan como centinelas de la salud del ecosistema marino, desempeñando también un papel ecológico en el ciclo de los nutrientes y controlando el crecimiento de las praderas de hierbas marinas. Al igual que otras especies acuáticas marinas, los manatíes suelen varar vivos, enfermos, heridos o muertos en las costas de Puerto Rico. Este estudio describe exhaustivamente las causas de mortalidad del manatí antillano en Puerto Rico, representadas por 23 años de vigilancia (1999-2022). Se revisaron los informes de eventos de varamiento, el historial clínico veterinario y los resultados de exámenes postmortem completos, incluido el análisis histológico, teniendo en cuenta los diferentes estados de descomposición, la edad relativa y el sexo de los individuos, así como los factores estacionales. Se identificaron amenazas exclusivas de esta subespecie antillana, entre ellas enfermedades infecciosas, no infecciosas y zoonóticas emergentes y afecciones asociadas a impactos antropogénicos, como traumatismos debidos a impactos por parte de embarcaciones a velocidad. Estos hallazgos permitirán comprender mejor los riesgos actuales para la salud de la población de manatíes en una región con datos insuficientes y una población de manatíes en declive. Además, estos hallazgos son esenciales para identificar nuevas vías de gestión para la conservación, protegiendo así la supervivencia de esta especie en peligro de extinción y el conocimiento y futuro control de las enfermedades que se han relacionado entre la fauna de vida silvestre y la salud pública y, por tanto, con un enfoque de "Una Salud".

Ehrlichia chaffeensis detectada en garrapatas (Ixodida: Ixodidae) en un Bosque Tropical Caducifolio en México.

Carmen Guzmán-Cornejo | Andrea Rebollo-Hernández | Luis García-Prieto | Angel Herrera-Mares | Alejandro Oceguera-Figueroa | Andrés M. López-Pérez | Karla Dzul-Rosado

Ponente: Carmen Guzmán-Cornejo, carguzmancornejo@gmail.com

RESUMEN: *Ehrlichia chaffeensis* es una bacteria intracelular Gram-negativa transmitida por garrapatas incluidas en la familia Anaplasmataceae. En México, únicamente dos especies (*E. canis*, *E. chaffeensis*) han sido registradas en asociación con estos artrópodos. Como parte de un proyecto de investigación realizado en la Reserva de la Biósfera Chamela-Cuixmala (19°30'00'' N; 105°02'00' W) en el Pacífico Mexicano, colectamos garrapatas con el fin de detectar bacterias del género *Ehrlichia* en el área. Se realizaron cuatro muestreos durante abril y noviembre de 2018 y 2019 en la reserva. La captura y manejo de mamíferos siguió a la guía de la Sociedad Americana de Mastozoólogos. Las garrapatas recolectadas fueron analizadas individualmente mediante PCR punto final, para amplificar un fragmento de 344 pb del gen *16S rRNA* de Anaplasmataceae, y de 409 pb del gen *dbs* específico para *Ehrlichia*. Un total de 204 garrapatas correspondientes a cinco especies de Ixodidae y una de Argasidae, fueron obtenidas de 147 mamíferos de cuatro ordenes (Didelphimorphia, Carnivora, Lagomorpha y Rodentia) y 57 de vida libre. Del total obtenido, un 1.47% (3/204) resultaron positivas a una región del gen *16S rRNA* y del gen *dbs*. Las muestras positivas correspondieron a una larva de *Amblyomma* sp., asociada con *Didelphis virginiana* y a dos ninfas de *Amblyomma* ca. *oblongoguttatum* infestando a *Nasua narica*. Ninguna garrapata de vida libre resultó positiva a la infección. La secuencia obtenida de *Amblyomma* sp., tuvo una similitud de 99.75% con *E. chaffeensis* (GenBank CP007480.1). Las dos secuencias generadas de las ninfas de *A.* ca. *oblongoguttatum* presentaron una similitud de 97.3-99% con *E. chaffeensis* (GenBank KM458247.1 y CP007480.1). El análisis filogenético inferido con Máxima Verosimilitud corrobora su identidad como *E. chaffeensis*. Aunque desconocemos si *A.* ca. *oblongoguttatum* es vector de la bacteria, su presencia representa un riesgo zoonótico potencial, ya que infesta animales silvestres y al hombre.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Fauna silvestre atropellada como fuente de colecta de material biológico

César R. Rodríguez-Luna | Margarida F. Barber | Emir Palomo-Arjona | Román Espinal-Palomino | Carlos N. Ibarra-Cerdeña

Ponente: César R. Rodríguez-Luna, cesar.rodriguez@cinvestav.mx

RESUMEN: Los eventos de colisión entre vehículos y fauna silvestre representan uno de los efectos que las carreteras ejercen sobre el medio ambiente. El impacto del atropellamiento es más grave en las poblaciones animales con tamaño poblacional bajo, con ámbitos hogareños grandes y que presentan amplios desplazamientos diarios. Por otro lado, los atropellamientos también representan oportunidades valiosas para la recuperación de material biológico de la fauna silvestre, especialmente de especies raras y en peligro de extinción. En este trabajo, nuestro objetivo fue describir el rol que la fauna silvestre atropellada tiene como fuente de material biológico. El sitio de estudio fue la red de carreteras del área de influencia de la Reserva de la Biosfera Calakmul (RBC), Campeche, México. Realizamos recorridos diurnos y nocturnos, de distancia variable (18–132 km), para el monitoreo de fauna silvestre atropellada en las carreteras en la parte central y norte del área de influencia de la RBC. Cuando detectamos un ejemplar atropellado, implementamos un protocolo para la colecta sistemática de tejido, sangre, saliva, ectoparásitos, pelo, excretas y orina. Realizamos 75 recorridos y alcanzamos un acumulado de 5620 km. Registramos 49 individuos atropellados de 16 especies, en su mayoría mamíferos (43.75%, n = 7) y reptiles (37.50%, n = 6). En 61.22% (n = 30) de los casos recuperamos tejido, en 26.53% (n = 13) recuperamos sangre, en 24.49% (n = 12) recuperamos ectoparásitos, en 20.41% (n = 10) recuperamos pelo, en 8.16% (n = 4) recuperamos excretas y en 2.04% (n = 1) recuperamos orina. Aunque cada caso es distinto y la cantidad y diversidad de material biológico recuperado depende de la condición del ejemplar, los animales atropellados representan una fuente importante de colecta de muestras biológicas, principalmente de tejido y hemáticas, que pueden ser usadas en diversas áreas de investigación científica.

Monitoreo de genes de resistencia a antibioticos en sedimentos marinos asociados a centros de cultivos de especies salmonídeas – una comparacion de periodos de produccion y descanso

Marcela Almeida

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

RESUMEN: El objetivo fue evaluar cambios-longitudinales en la concentración (número de copias por gramo de materia-seca (NC/gr)) de los principales genes de resistencia descritos en salmonicultura en Chile (*tetM*, *floR* y *fexA*), en sedimentos marinos. Se evaluaron los periodos de descanso y producción en dos granjas de S*almo salar* en el sur de Chile. Mensualmente se recolectaron seis muestras por granja. Los puntos de muestreo fueron identificados mediante GPS para de realizar muestreos repetidos. Estos se localizaron entre 20 a 40 metros desde el borde externo-norte de las balsas jaulas. El estudio duró 12 meses (4 meses descanso y 8 meses producción). Se utilizó un ensayo de qPCR, el NC de cada gen fue ajustado por la humedad relativa de la muestra. Se utilizó un modelo de Poisson-de-efectos-mixtos (*fexA*) o un modelo cero-inflado-de-Poisson-de-efectos-mixtos (*tetM* y *floR*) para asociar cambios en NC/gr con: *i*) estatus productivo (descanso vs. producción), *ii*) distancia de muestreo (20 vs 40 m), y *iii*) época del año (primavera-verano vs. otoño-invierno). Los tres genes presentaron variaciones longitudinales significativas. *fexA* presto una concentración 1.31 veces mayor en el periodo productivo (comparado al descanso), mientras que NC/gr disminuyó un 49% durante los meses cálidos. Similarmente, *floR* tuvo una concentración 4.9 veces mayor durante el periodo productivo (comparado al descanso), y su concentración disminuyo en un 88% durante los meses fríos. Finalmente, *tetM* presentó un aumento del NC/gr de 1.45 veces durante el periodo productivo, mientras que en los meses cálidos la concentración disminuyo en un 82%. Por lo tanto, estatus productivo y época de año son los principales factores asociados a cambios en el NC/gr. La duración del periodo de descanso no está regulada actualmente. Futuros estudios deberían evaluar el efecto de diferentes tiempos de descanso, para determinar el tiempo optimo que minimice la acumulación de resistencia en el ambiente.

CARTEL CIENTÍFICO

Virus de Influenza y Animales Silvestres en México

Diana Blanquet Ramírez Gutiérrez

Ponente: Diana Blanquet Ramírez Gutiérrez, diian.blnqt@gmail.com

RESUMEN: El virus de influenza ha tenido una presencia importante en México, siendo una de las zoonosis con mayor potencial pandémico y cruce de barrera interespecie como se observó durante la pandemia en 2009. Los animales silvestres juegan un rol importante en el ciclo epidemiológico de esta enfermedad; se considera que las aves acuáticas y migratorias son el principal reservorio, pues se ha demostrado que existe gran transmisibilidad a otros animales silvestres y en conjunto desempeñan un papel importante en la dispersión del agente. Este trabajo tiene como objetivo realizar una revisión bibliográfica para conocer la situación actual del virus de influenza en México, poniendo énfasis en los avances y estudios realizados en animales silvestres. Se realizó una búsqueda sistemática en el portal Web of Science utilizando la siguiente fórmula de búsqueda = ((Influenza) AND (wildlife OR wild animals) AND (México)) cuyos criterios de inclusión fueron la especificación del lugar de muestreo, especie del animal silvestre, tipo y subtipo del virus de influenza identificado y técnica de diagnostico. De acuerdo a los artículos consultados, en México solamente se ha identificado virus de influenza en aves acuáticas del género *Anas spp*. y en cerdos asilvestrados (*Sus scrofa*). Los agentes que se han identificado corresponden a influenza aviar subtipo H5N2, H3N2 y H1N1; influenza humana subtipo Ham1N1 e influenza porcina subtipo H1N1; las técnicas diagnósticas utilizadas fueron Inhibición de la hemoaglutinación y RT-PCR. México cuenta con las condiciones geográficas y ambientales idóneas para permitir la circulación del virus en el ambiente; por ello, es prioritario aumentar los esfuerzos de muestreo y diagnóstico tomando en cuenta que los murciélagos, roedores, y otros mamíferos carnívoros y marinos son también hospedadores potenciales de los cuales no existen estudios en México hasta el momento.

A new *Plasmodium* sp. lineage infecting a Red-Legged-Seriema (*Cariama cristata*), with remarks on its exo-erythrocytic pathogenicity

Erika Braga

Ponente: Erika Braga, erikabragaufmg@gmail.com

RESUMEN: Avian plasmodia are distributed among different bird species worldwide and can cause virulent infections associated with tissue damage during exoerythrocytic replication. Here we report a new *Plasmodium* sp. lineage infecting a Red-legged Seriema (*Cariama cristata*) received at the Wild Animal Triage Center (CETAS-BH). Molecular analyses, using nearly complete sequencing of the mitochondrial genome recovered a new lineage closely related to the lineage NYCNYC01 reported in a non-Passeriformes, a Black-crowned Night Heron (*Nycticorax nycticorax*) also from Brazil. Exoerythrocytic meronts were not observed in the tissues; in contrast, the histopathology revealed periportal lymphoplasmacytic hepatitis with the presence of heterophils; the periportal structure showed nests of distended vacuolated cells and microvesicular lipid degeneration in the liver; the brain showed cerebral edema and satelitosis; in the lungs were observed congestion and hemorrhagic areas with hemosiderosis; the spleen exhibited hyperplasia and hypertrophy of perivascular dendritic reticular cells, lymphocytolysis; red pulp congestion with hemosiderosis. The occurrence of *Mycobacterium* spp., other bacterial infections, and amyloidosis was discarded by the Ziehl-Neelsen, Gram, and red Congo stains. This is the first description of the genus *Plasmodium* in *Cariama cristata*, which seems to be potentially pathogenic. Therefore, new studies are essential to clarify whether pathogenicity is intrinsically higher for this *Plasmodium lineage* or if it reflects a susceptibility bias present in seriema.

CARTEL CIENTÍFICO

Interacciones indirectas entre ganado bovino y visón norteamericano (*Neogale vison*): implicancias para la transmisión de patógenos en una interface ganadera/silvestre de la región de Los Ríos, Chile

Felipe A. Hernández | Jonatan Manqui | Victoria Méndez | Gerardo Acosta-Jamett

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

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Las zonas de interface donde cohabitan humanos, vectores y hospedadores, conforman escenarios donde eventos de co-ocurrencia interespecífica pueden facilitar la transmisión de diversos agentes infecciosos. Especies invasoras como el visón norteamericano (*Neogale vison*), mustélido semi-acuático ampliamente distribuido en toda la macrozona sur de Chile, coexisten con especies domésticas y son capaces de albergar múltiples patógenos que afectan a animales y humanos. El presente estudio buscó estimar los patrones de interacción indirecta entre el ganado bovino y visón como una aproximación a la potencial transmisión de patógenos entre ambas especies. Comparamos las tasas de interacción bovino-visón en predios donde el ganado bovino tiene acceso permanente a curso de agua (sitios libres) vs. predios con acceso limitado (sitios restringidos). En el período octubre 2022-enero 2023, instalamos cámaras trampa en 27 predios ganaderos de la región de Los Ríos (dos cámaras por sitio). Obtuvimos un total de 945 fotos independientes durante 998 días de foto-trampeo, que correspondieron a 871 registros de bovinos y 74 registros de visones. En general, ambas especies co-ocurrieron en 14 de 27 (52%) de los sitios muestreados. Detectamos 25 interacciones bovino-visón (co-visitas a misma cámara), de las cuales 60% ocurrieron en sitios con acceso libre a curso de agua. Los visones exhibieron un patrón de actividad crepuscular/nocturno concentrado entre las 2100-0600h (54% de fotos), mientras que la actividad diurna de bovinos se concentró entre las 0600-1900h (77% de fotos). Al comparar ambos patrones de actividad, obtuvimos un coeficiente de traslape =0,58, que sugiere una segregación temporal entre ambos grupos. No obstante, los patrones espaciales de co-ocurrencia interespecífica podrían sugerir distintas probabilidades de transmisión de patógenos según categoría de sitio. Análisis en curso permitirán expandir el estudio de la interacción bovino-visón, y evaluar diversos factores espacio-temporales como potenciales predictores de la probabilidad de co-ocurrencia interespecífica a escala local. FONDECYT 11220711.

Distintos serovares de Leptospira en tapires brasileños (*Tapirus terrestris*) en los biomas del Pantanal, Cerrado y Amazonía

Fernanda Cristina Jacoby | Alexandra Tiso Cumerlato | Vanessa Castro | Lília Marcia Paulin Silva | Liria Hiromi Okuda | Emília Patrícia Medici

Ponente: Fernanda Cristina Jacoby, fernandajacoby@ipe.org.br

RESUMEN: La leptospirosis es una enfermedad bacteriana zoonótica con el potencial de infectar a todos los mamíferos. Varias especies silvestres participan en la cadena epidemiológica y se sospecha que actúan como fuente de infección. Los hábitos de los tapires brasileños (*Tapirus terrestris*) favorecen la infección por *Leptospira* spp.: dependen de cursos de agua y pasan largos períodos sumergidos, especialmente para regular su temperatura corporal. Se examinaron 155 muestras de suero sanguíneo de tapires capturados y anestesiados por la Iniciativa Nacional para la Conservación del Tapir Brasileño (INCAB-IPÊ) para la colocación de collares de GPS y la recolección de material biológico en diferentes biomas de estudio. Los análisis se realizaron mediante la prueba de aglutinación microscópica de suero para leptospirosis. En el Pantanal (muestras recolectadas entre 2008 y 2022), 123 muestras de sangre fueron reactivas a los serovares: Pomona (114/123=92%), Icterohaemorrhagiae (62/123=50%), Hardjo (2/123=1%), Bratislava (9/123=7%), Copenhageni (2/123=1%), Canicola (2/123=1%), Grippotyphosa (3/123=2%), Pyrogenes (1/123=0,8%), Wolffi (1/123=0,8%) y Autumnalis (5/123=5%). En el Cerrado (2015-2017), 22 muestras fueron reactivas, siendo los serovares: Pomona (21/22=95%), Icterohaemorrhagiae (8/22=36%), Grippotyphosa (2/22=9%). En la Amazonía (2021-2023), 19 muestras fueron reactivas a los serovares: Pomona (12/19=63%), Icterohaemorrhagiae (8/19=42%), Hardjo (1/19=5%), Autumnalis (2/19=10%). Todos los serovares encontrados son patógenos, y 58 individuos presentaron títulos más altos (1:3200) que la mayoría de los animales analizados, tanto para Pomona como para Icterohaemorrhagiae, en los tres biomas mencionados. Durante la evaluación clínica realizada en la captura de los animales, no se observaron ninguno signos evidentes, y no hubo cambios importantes en el hemograma o en la bioquímica de los individuos positivos. Se necesitan técnicas de diagnóstico adicionales, como el aislamiento bacteriano y el uso de la técnica de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) en orina y tejido renal, para determinar si el tapir es un portador o un reservorio del agente.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Abscesos intramusculares encontrados en tapires (*Tapirus terrestris*) en el estado de Mato Grosso do Sul - Brasil

Fernanda Cristina Jacoby | Cassia Rejane Brito Leal2 | Fernando Paiva

Ponente: Fernanda Cristina Jacoby, fernandajacoby@ipe.org.br

RESUMEN: Varios mamíferos presentan bacterias cocos Gram positivas comensales de la piel y las mucosas, incluyendo el género *Streptococcus*, el cual tiene docenas de especies descritas. Eventualmente, este agente puede convertirse en un patógeno facultativo en el portador. El objetivo de este estudio fue describir la presencia de abscesos intramusculares encontrados durante la necropsia de dos tapires brasileños (*Tapirus terrestris*). Estos animales eran rescatados (un cachorro y un adulto), con antecedentes de colisión vehicular, y fallecieron. Durante la necropsia, se encontraron un absceso en el costado del abdomen del cachorro y otro en el animal adulto, entre los músculos bíceps femoral, semitendinoso y semimembranoso. La pus era de color blanco y se drenaba en gran cantidad. Se realizó un cultivo microbiológico del material recolectado y ambos resultados indicaron la presencia de *Streptococcus* spp. En la PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) se encontraron dos especies distintas: *Streptococcus equi* cepa zooepidemicus (adulto) y *Streptococcus dysgalactiae* (cachorro). *S. equi* cepa zooepidemicus es oportunista y afecta a muchas especies, y se asocia con adenitis equina, pudiendo causar infecciones en la piel y tejidos blandos, con la formación de abscesos, metritis, mastitis y placentitis, que pueden resultar en abortos. *S. dysgalactiae* generalmente se encuentra causando mastitis en el ganado bovino, pero también se ha aislado en casos de celulitis grave, síndrome del choque tóxico y artritis supurativa. Debido a la influencia humana y la cercanía de los animales domésticos con los animales silvestres, es cada vez más preocupante el contacto de los tapires con estos patógenos, que pueden traer impactos a una población completa de una especie vulnerable a la extinción. Es necesario realizar un monitoreo continuo de los tapires en la región para evaluar las consecuencias de la formación de estos abscesos.

Cambios clínicos encontrados en tapires brasileños (*Tapirus terrestris*) de vida libre capturados en una región de monocultivo en la Amazonía

Fernanda Cristina Jacoby | Alexandra Tiso Cumerlato | Emília Patrícia Medici

Ponente: Fernanda Cristina Jacoby, fernandajacoby@ipe.org.br

RESUMEN: El monocultivo a gran escala causa diversos impactos en el medio ambiente, disminuyendo la vegetación nativa, aumentando la contaminación del entorno debido al uso de agroquímicos. Este cambio en el entorno puede provocar alteraciones en la alimentación, los hábitos y la salud de estos individuos. El objetivo de este estudio fue describir las alteraciones en los exámenes clínicos de tapires en un entorno alterado por el cultivo de soja, maíz y algodón en la Amazonía. Se realizó una evaluación clínica general de 17 animales capturados y anestesiados para la instalación de collares de GPS y la recolección de materiales biológicos por parte de la Iniciativa Nacional para la Conservación del Tapir Brasileño (INCAB-IPÊ). Las alteraciones más significativas fueron: 5 animales (29%) presentaron manchas oscuras en las encías y el paladar, 7 animales (41%) presentaron desgaste del casco con líneas de estrés. Al ser una región con predominio de agricultura a gran escala y hábitat forestal fragmentado, los animales optan por los recursos disponibles y de fácil acceso, principalmente los granos de maíz y soja. En cuanto a la coloración oscura en la mucosa oral, esta alteración no había sido reportada en ningún otro bioma (Mata Atlántica, Cerrado y Pantanal). Una hipótesis es la melanosis: pigmentación de las encías debido al depósito excesivo de melanina en el epitelio oral, lo que es una alteración fisiológica. Otra posibilidad sería la contaminación por agroquímicos, que se utilizan en grandes cantidades en la propiedad y con los cuales los animales tienen contacto directo. Los cascos desgastados están formados por tejido córneo de baja calidad, generalmente debido a deficiencias y desequilibrios nutricionales. Una de las causas de esta alteración en los equinos es la laminitis, que puede ocurrir por la alta ingesta de carbohidratos no estructurados, causando sobrecarga y liberación de endotoxinas.

CARTEL CIENTÍFICO

Sarna Sarcóptica: explorando patrones asociados a susceptibilidad taxonómica

Francisca Astorga

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

RESUMEN: La sarna sarcóptica es una enfermedad contagiosa causada por el ácaro *Sarcoptes scabiei*, caracterizada por la presencia de lesiones alopécicas y prurito asociado a una respuesta inflamatoria. La transmisión se da a través del contacto directo o por el contacto con áreas contaminadas. Se reconocen 148 especies huéspedes, de dos órdenes y 29 familias, convirtiendo a *S. scabiei* en uno de parásitos más generalistas conocidos hasta ahora. La sarna puede tener efectos graves en la salud, resultando en pérdida de la condición corporal y debilidad, pudiendo llegar a generar mortalidades de diversa magnitud. La presentación clínica y la severidad varía entre individuos y especies, donde se han identificado grupos que presentan mayor gravedad, como especies de Diprodontia. Sin embargo, aún no se han identificado patrones de susceptibilidad asociados a distancias filogenéticas, que permitieran sugerir rutas coevolutivas huésped-parásito. Es más, a pesar de ser conocida desde la antigüedad y estar globalmente distribuida, aún está en discusión el grado de especificidad de *S. scabiei* y su capacidad de saltar entre huéspedes taxonómicamente lejanos. Es así como el presente estudio explora la estructura filogenética de los huéspedes, asociándola a la susceptibilidad y a la severidad de la presentación clínica. Para esto, se colectó información de la presentación clínica de *S scabiei* en los distintos huéspedes, definiendo indicadores de severidad. Los resultados preliminares indican que la sarna presenta alta severidad agrupada en unidades taxonómicas específicas. Sin embargo, estas unidades (agrupaciones) con presentaciones más severas presentan distancias filogenéticas impares e inconsistentes entre sí. Por lo tanto, la mayor susceptibilidad agrupada en unidades taxonómicas no se explica por las distancias taxonómicas entre unidades, dando luces del camino evolutivo de la interacción huésped-parásito. Se espera poder identificar aquellas especies no-huéspedes que serían potencialmente susceptibles a cuadros de sarna más severos, especialmente aquellas en categorías de conservación.

Rabies in Brazilian tapir (*Tapirus terrestres*): case report

Gabrielle F. P. S. Gagliotti | Barbara A. R. Pilao | Pedro E. Navas-Suárez | Jamile M. Garcia | Cinthya S. Cirqueira | Rodrigo A. Ressio | Natália C. C. A. Fernandes | José Luiz Catão Dias | Juliana M. Guerra

Ponente: Gabrielle F. P. S. Gagliotti, gabigagliotti@usp.br

RESUMEN: Rabies is a zoonotic viral disease that affects the central nervous system, causing high lethality. In recent years, a significant portion of cases of rabies in Brazil are related to infection in wild animals, such as bats, carnivores, and non-human primates, although any mammal can be infected by rabies. A tapir (*Tapirus terrestris*) was rescued near to Carlos Botelho State Park, in the city of São Miguel Arcanjo, São Paulo, Brazil, with suspected hind limb fracture. The animal was sent to a rescue center where injuries and fractures were excluded. After a period of observation, the animal died as a result of progressive neurological signs (nystagmus, ataxia). At the necropsy, the central nervous system was congested and samples were collected and fixed in formalin for histopathological evaluation. Microscopically, mild to moderate multifocal nonsuppurative encephalitis were observed, characterized by lymphohistiocytic perivascular cuffs, as well as multiple areas of gliosis with neuronal necrosis. Multiple intracytoplasmic eosinophilic inclusions were noticed in neuronal bodies (Negri's corpuscles). In the tongue, mild multifocal mononuclear adenitis was observed. Brain and tongue samples were submitted to immunohistochemistry with rabies polyclonal antibody (1/2000, in house- Evandro Chagas Institute), showing the presence of viral antigen in neurons, and acinar and ductal epithelial cells in salivary gland. This report aims to alert professionals working in the field with wild species about the risk of exposing themselves to animals with a history of trauma, but with potentially serious neuropathies of great importance and lethality for humans, such as rabies.

CARTEL CIENTÍFICO

Estudio etiológico de las bronconeumonías en el rebeco Pirenaico (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*): salud poblacional en ecosistemas alpinos

Gianmarco Bettoni Rodríguez | Virginia Aragón | Caroline Berger | Nuria Galofre | María Puig Ribas | Johan Espunyes | Ignasi Marco | Oscar Cabezón | Xavier Fernández Aguilar

Ponente: Gianmarco Bettoni Rodríguez, gianmarco.bettoni@autonoma.cat

RESUMEN: En el rebeco pirenaico (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*), brotes epizoóticos de bronconeumonías son reportados de manera esporádica con síntomas como tos y distrés respiratorio. Para entender mejor la epidemiología de las bronconeumonías en el rebeco pirenaico se analizaron 202 animales cazados del 2015 al 2023 en una población de rebecos en los Pirineos Orientales, en la Reserva Nacional de Caza Freser-Setcases (España). De estos animales, se realizaron necropsias de campo para registrar la presencia de lesiones y tomar muestras de pulmón mediante hisopos con medio de transporte Amies para realizar cultivos microbiológicos. En el laboratorio, los hisopos fueron cultivados en agar chocolate e incubados 24-48 horas a 37ºC, 5% CO2. Las colonias elegidas para la obtención de cultivo puro fueron seleccionadas bajo criterios de abundancia. Por último, se identificaron las colonias mediante la secuenciación parcial del 16S rRNA y las cepas de Pasteurellaceae se genotiparon mediante ERIC-PCR. El 65% de los individuos mostraron lesiones macroscópicas de bronconeumonía con un rango del 5% al 100% en los lóbulos craneales y mediales, y entre un 5-10% en los lóbulos caudales. Se aislaron diversas colonias bacterianas, principalmente *Pasteurella multocida*, Manheimia haemolytica y *Bibersteinia trehalosi*, seguido de *Moraxella bovoculi*, *Pantoea agglomerans*, *Streptococcus* spp. y *Pseudomonas* spp. Únicamente las bacterias de la familia Pasteurellaceae se asociaron estadísticamente con la presencia de lesiones (Fisher's exact test p;0.01, OR: 3.73), sugiriendo un papel importante en la etiología de la enfermedad. Los resultados de ERIC-PCR mostraron un único patrón de bandas para *P. multocida* y diversos para *M. haemolytica* y *B. trehalosi*. Tanto la detección de la enfermedad de forma constate y frecuente a lo largo del tiempo como la distribución espacial homogénea de los casos indican que las bronconeumonías son comunes y endémicas en los rebecos del Pirineo oriental.

Amphibian evolutionary relationships capture microbe associations despite contrasting pathogen pressures: Insights from a latitudinal gradient of biodiversity in South America

Ana V. Longo | Jaiber J. Solano-Iguaran | Andrés Valenzuela-Sánchez | Mario Alvarado-Rybak | Claudio Azat | Leonardo D. Bacigalupe

Ponente: Jaiber J. Solano-Iguaran, jaiber.solano.i@gmail.com

RESUMEN: Natural selection and neutral processes jointly contribute to generate variation in microbial composition across scales from host tissues to habitats and ecosystems. Because microbiomes have been largely explored from the single-host perspective, we know relatively little about how these processes scale up as hosts and their microbes turnover across latitudinal gradients of biodiversity and climates. Here, we investigate if neutral processes, host evolutionary relationships, and/or host-microbe interactions determine microbiome diversity in amphibians living with an emerging pathogen. We developed a resampling scheme using comparative methods to evaluate the robustness of phylogenetic signals in microbial diversity while accounting for pathogen infection, which often produces a signature of homogenization due to dysbiosis. We implemented Sloan's community models to identify bacterial families that positively or negatively deviated from the neutral expectations. We found that host evolutionary relatedness maintained the structure of skin microbiomes, despite high variation introduced by infection and stochastic processes.

Resultados preliminares del proyecto "Una Salud: conocimientos, percepción de riesgo y estrategias de prevención de las enfermedades zoonóticas en las comunidades del municipio de Calakmul".

Jonathan Pérez Flores | Birgit Schmook | Sophie Calmé | Malena Oliva

Ponente: Jonathan Pérez Flores, johnspf77@gmail.com

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Los estudios en el sureste mexicano bajo el enfoque de "Una Salud" son escasos y han dejado de lado factores sociales, culturales y económicos que influyen en la salud humana, animal y ambiental. Este proyecto investiga como los habitantes de las comunidades rurales de Calakmul, un municipio con alto grado de marginación y pobreza, conciben el vínculo entre la salud humana, animal y ambiental, y cuales han sido sus estrategias para prevenir la transmisión de zoonosis. Para lograr nuestro objetivo aplicamos entrevistas semi-estructuradas a 138 personas de 11 comunidades que tuvieran bajo su cuidado animales (ganado, traspatio y mascotas). En estas encuestas se abordaron temas de medicina preventiva, nutrición, enfermedades zoonóticas y Una Salud. Entre nuestros resultados preliminares observamos que la mayoría de la gente no sabe que los animales domésticos transmiten enfermedades a los humanos (74%), también no sabe que existe transmisión de enfermedades entre los animales domésticos y la fauna silvestre (70%), y no cree que hay una conexión entre la salud del humano, la salud animal y la salud ambiental (63%). Además, existe un uso inapropiado de medicamentos, escaso servicio veterinario, inadecuado desecho de residuos biológicos y presencia de enfermedades como la rabia, fasciolasis y toxoplasmosis. Con estos resultados llevamos a cabo una serie de talleres enfocados a llenar los vacíos de conocimiento que tienen las personas con respecto a la relación entre la salud humano-animal-medio ambiente, principales enfermedades del ganado (vacas, borregos y cabras) y enfermedades zoonóticas. Por otro lado, logramos realizar dos campañas de vacunación contra rabia (2000 animales) y proveer de desparasitantes a los productores. Con los conocimientos generados ayudamos a prevenir la transmisión de zoonosis y mejorar la inocuidad de los alimentos que producen y consumen los productores que habitan en las comunidades que rodean la Reserva de la Biosfera de Calakmul.

Uso de estatolitos en la estimación de edad y tasa de crecimiento en *Turbinella angulata, Sinistrofulgur pervesum* y *Lobatus costatus*: implicancias en la conservación de recursos pesqueros.

Jorge Luis Garcés Salazar

Ponente: Jorge Luis Garcés Salazar, jgarcessalazar@yahoo.com.mx

RESUMEN: Los estatolitos son estructuras calcáreas que se han utilizado como un método directo en la determinación de edad en gasterópodos. En los estatolitos se pueden hacer lecturas de incrementos de crecimiento que se depositan anualmente por los cambios de temperatura a lo largo del año, de esta manera se observan bandas claras y oscuras. Es la primera vez que se determina la edad con estructuras duras en los caracoles de importancia comercial de Campeche, México, además de que sólo se había realizado en especies de talla pequeña. Para obtener los ejemplares, se hizo un muestreo durante la temporada de pesca de caracol en Campeche (2018) en cuatro localidades (Champotón, Seybaplaya, Ciudad de Campeche e Isla Arena). Se realizó una disección de la cabeza del caracol en la región cerebropleural para extraer los estatolitos. Se separaron los estatolitos del tejido y se limpiaron con una solución de peróxido de hidrógeno, posteriormente se dejaron secar y se colocaron en una resina termoplástica; después se pulieron con papel de carburo de silicio y se observaron al microscopio óptico para hacer los conteos de incrementos de crecimiento y para hacer las mediciones entre anillos para estimar la tasa de crecimiento (x400). Se determinó que los estatolitos son una excelente herramienta para determinar la edad y tasa de crecimiento en especies de caracoles de talla grande y que estas variables están estrechamente relacionadas con la temperatura del hábitat. Los estatolitos permiten reconstruir el ambiente térmico en el que crecieron los caracoles y entender cómo este factor influye en su tasa de crecimiento, dan evidencia que, las especies comerciales de Campeche, México son longevas y de crecimiento lento, por lo que el manejo de esta pesquería debe estar bien regulada para garantizar el “stock” de las poblaciones que permita un aprovechamiento sustentable.

CARTEL CIENTÍFICO

Caracterización y perfil de resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas de heridas en animales silvestres sobrevivientes de incendios ocurridos en febrero de 2023, regiones de Ñuble y Bio-bio en Chile.

Jorge Nicolás Campos | Valentina Aravena | Fredy Riquelme | Jorge Barraza | Montserrat del Campo | Matías Inostroza | Ignacio Ramírez | Paula Aravena | Danny Fuentes Castillo

Ponente: Jorge Nicolás Campos, jocampos2018@udec.cl

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Durante el periodo de febrero y marzo de 2023, en Chile se registraron incendios localizados en zonas forestales de las regiones de Ñuble y Bío Bío, lo que generó un gran impacto en la fauna silvestre. Debido a esto, una serie de animales fueron rescatados y llevados al Centro de Rehabilitación de Fauna Silvestre de la Universidad de Concepción (CRFS). Diversas heridas producidas por las quemaduras se encontraban con infecciones secundarias de origen bacteriano. Por otro lado, el aumento de la resistencia a antimicrobianos genera preocupación mundial debido a la diminución de alternativas terapéuticas en humanos, animales domésticos e incluso fauna silvestre. Como parte de un estudio de vigilancia epidemiológica para detección de resistencia antimicrobiana (RAM) en animales quemados ingresados al CRFS, entre febrero y mayo del presente año, se analizaron 39 torulados de heridas de mamíferos silvestres. Para la búsqueda de bacterias, los torulados fueron sembrados en agares cerebro-corazón, sangre y MacConkey para su posterior identificación con pruebas bioquímicas. Entre las cepas bacterianas detectadas, se encontraron principalmente *Pseudomonas aeruginosa*, *Proteus mirabilis*, *Escherichia coli* y *Streptococcus pyogenes* con diferentes niveles de susceptibilidad antimicrobiana. Los aislados presentaron resistencia a tetraciclinas, sulfonamidas, y antibióticos de importancia crítica como cefalosporinas de tercera generación y fluoroquinolonas. Este trabajo revela las bacterias asociadas a infecciones secundarias a quemaduras en mamíferos silvestres, y como la RAM se transforma en una amenaza creciente en la conservación de la fauna silvestre sudamericana.

Estableciendo un programa de vigilancia de salud para las poblaciones de la danta centroamericana (*Tapirus bairdii*) a través de una red colaborativa en Costa Rica.

Jorge Rojas Jiménez | Sonia M. Hernandez | Michael Yabsley | Randall Arguedas | Juan Carlos Delgado | Andy Whitworth | Eleanor Flatt

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

RESUMEN: Debido a la escasez de recursos para investigar la salud de la fauna, las enfermedades infecciosas y la genética no han sido una preocupación de conservación para la danta centroamericana. La investigación sobre la salud de dantas se ha realizado principalmente dentro de áreas protegidas. En algunas regiones de Costa Rica, las dantas han cambiado su comportamiento y preferencias de hábitat, donde se movilizan fuera de áreas protegidas en fincas e interactuando con personas y animales domésticos. Estos patrones de movimiento pueden influir en su exposición a fuentes de contaminantes o enfermedades infecciosas, afectando a las poblaciones y las dinámicas de patógenos. Estamos implementando un programa piloto para evaluar la factibilidad técnica y logística para establecer vigilancia activa y pasiva de las poblaciones de dantas en el país. Hemos creado una red de colaboraciones entre laboratorios de referencia de universidades y agencias estatales, investigadores y guardaparques. A través de esta red estamos desarrollando talleres de capacitación para protocolos estandarizados de colecta de muestras biológicas, un banco de muestras biológicas y una base de datos. Desde hace 5 años, hemos capturado y colocado radiocollares a 12 dantas para comprender el uso de su hábitat e identificar puntos críticos de interacción humano-danta, mientras evaluamos su estado de salud; hemos intervenido en 6 casos de conflicto intra o interespecies; y atendido 5 necropsias. Hemos muestreado dantas de forma invasiva y no invasiva en un corredor biológico para evaluar la estructura poblacional y la diversidad genética. Mediante el estudio genético hemos confirmado la especificidad y viabilidad del ADN obtenido, y el análisis de STR se está realizando utilizando un panel de ocho marcadores. Al igual que otros programas clave de vigilancia de especies, estas intervenciones han comenzado a dilucidar patrones prioritarios para la salud de las dantas en Costa Rica.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Factores asociados a la concentración de glucocorticoides en pelo del ratón orejudo de Darwin (*Phyllotis darwini*) en un contexto de antropización

Joseline Veloso-Frías | Mauricio Soto-Gamboa | Gerardo Acosta-Jamett

Ponente: Joseline Veloso Frías, josy.velosoo@gmail.com

RESUMEN: El incremento de la actividad antrópica ha alterado la disponibilidad de hábitat y la calidad de recursos para la fauna silvestre, así como ha enfrentado a los individuos a diversos estímulos amenazantes. En consecuencia, ambientes antropizados pueden generar estrés en los organismos, activando el eje hipófisis-pituitaria-adrenal (HPA) y con ello la liberación de glucocorticoides (GCC) al torrente sanguíneo, desplazando reservas energéticas para mantener la homeostasis. Individuos sometidos a situaciones de estrés prolongado pueden predisponer a inmunodepresión, baja condición corporal, menor resistencia a enfermedades, y ver afectado su fitness, disminuyendo la supervivencia. Con base en lo anterior, este trabajo estudia cómo varía la respuesta de GCC en roedores silvestres capturados en áreas con diferente grado de impacto antrópico. En verano del 2022 y 2023 se capturaron 67 individuos del ratón orejudo de Darwin (*Phyllotis darwini*) en el Parque Nacional Bosques de Fray Jorge (No perturbado) y en la Hacienda El Tangue (perturbado), utilizando trampas Sherman dispuestas en cuatro grillas de muestreo por localidad. Para cada animal se tomó una muestra de pelo desde el dorso con el fin de cuantificar las concentraciones de GCC por inmunoensayo enzimático. Adicionalmente, se registró el sexo, condición corporal, carga de ectoparásitos y densidad de conespecíficos, variables que podrían incidir en los niveles de GCC. Los resultados preliminares sugieren que no hay diferencias significativas en concentraciones de GCC entre localidades, sin embargo, estas varían en función del sexo, encontrándose mayores concentraciones en hembras. Estos resultados sugieren que las menores concentraciones registradas en machos podrían deberse a un efecto supresor de la testosterona sobre el eje HPA o explicarse por disimilitudes en la inversión energética en reproducción.

Fuente de financiamiento: FONDECYT 1211190 y beca Magíster Nacional 2021 ANID.

Medidas para la reducción del riesgo potencial de transmisión de parásitos gastrointestinales en primates no humanos mantenidos en cautiverio

Juan Ricardo Sánchez Ayala | Andrea Chaves

Ponente: Juan Ricardo Sánchez Ayala, vetrichys@gmail.com

RESUMEN: Los centros de cautiverio juegan un papel fundamental en la protección y bienestar animal, sin embargo, también representan un riesgo inminente de transmisión de patógenos entre humanos y animales y entre diversas especies de animales. Además, de la posible propagación de patógenos a hábitats naturales mediante la reintroducción de individuos infecciosos. Las parasitosis son las enfermedades más comunes que afectan a los Primates No Humanos (PNH) en cautiverio. Debido a su proximidad filogenética con los humanos, son susceptibles a ser infectados por una gran variedad de parásitos de la misma especie, teniendo un impacto en su conservación y en salud pública. Por esta razón el objetivo de este trabajo fue identificar parásitos gastrointestinales con potencial zoonótico en PNH mantenidos en cautiverio, con el fin de establecer medidas de amortiguamiento para la introducción, amplificación y diseminación de parásitos gastrointestinales a PNH en cautiverio. Se colectaron un total de 162 muestras de heces de 55 PNH de diferentes especies en el estado de Morelos en México. Las muestras fueron procesadas con la técnica de Faust y de Kinyoun para la identificación de huevos y quistes de parásitos gastrointestinales. Un total de 12 diferentes parásitos gastrointestinales fueron identificados, de los cuales, cinco protozoarios; *Entamoeba coli*, *Giardia spp*., *Blastocystis sp*., *Cyclospora spp*., *Cryptosporidium spp*. y tres nematodos; *Trichuris spp*., *Enterobius spp*. y *Strongyloides spp*., presentan potencial zoonótico. Tomando en cuenta los modos de transmisión de parásitos gastrointestinales, evaluamos los protocolos de admisión comunes para Latinoamérica y sugerimos la revisión en los procedimientos de admisión de nuevos animales incluyendo: i. aplicación de un período de cuarentena en instalaciones aisladas, ii. pruebas diagnósticas y monitoreo a individuos recién admitidos, iii. aumentar las medidas de bioseguridad para la protección del personal y la bioseguridad de los recintos e instrumentos utilizado.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Understanding the genetic diversity of the MHC class I and II in a long-distance migratory shorebird

Kiara Fernández | Nathan Senner | Juan G. Navedo | Claudio Verdugo

Ponente: Kiara Fernández, kiarafernandezloyola@gmail.com

RESUMEN: Migratory shorebirds are widely claimed to be spreaders of several pathogens, facing a diverse range of habitats with varying pathogen pressures along the migration flyway. Therefore, migratory birds should maintain a robust and effective immune system to minimize the negative impact of pathogenic infections without compromising their migratory flight performance. However, the genetic structure of relevant immune genes in migratory shorebirds remains largely unknown. This knowledge is pivotal for revealing the adaptation of these highly vulnerable avian species, where any loss of adaptive genetic diversity could increase the risk of extinction. The aim of this study was to investigate the adaptive genetic diversity of MHC in the Hudsonian godwit, *Limosa haemastica*, a long-distance migratory shorebird. The functional regions of the MHC-I and MHC-II loci were first characterized to provide species-specific genetic markers. Then, MHC-I exon 3 and MHC-II exon 2 of 114 individuals from Beluga River (Alaska, USA), Churchill (Manitoba, Canada), Bahía Lomas (Tiera del Fuego, Chile) and Chiloé Island (Chile) were genotyped using massive amplicon sequencing approach. By the time of the conference, we will show allelic and nucleotide diversity and the main selection force acting on MHC-I and MHC-II alleles in godwits. We will further associate MHC allele diversity with pathogen pressure using bacteria, viruses, and helminth profiles of godwits from Chiloé previously obtained. We expect contrasting differences in allelic diversity between MHC-I and II and signatures of positive selection in both classes due to differences in pathogen pressure. Specifically, we anticipate stronger positive selection in the peptide-binding (PBR) sites than in non-PBR sites, especially for MHC-II. These findings will provide valuable insights into the genetic mechanisms that maintain variability in a group of adaptive immune genes and will improve our understanding of the impact of parasites and pathogens on natural populations.

Avian haemosporidians in Neotropical lowlands: morphological and molecular description of *Leucocytozoon* n. sp. in a non-migratory Brazilian bird Cariama cristata co-infected with *Haemoproteus pulcher*

Lis Marques de C. Vieira | Pedro Henrique Oliveira Pereira | Daniel Ambrózio da Rocha Vilela | Irène Landau | Francisco C. Ferreira | M. Andreína Pacheco | Ananias A. Escalante | Érika Martins Braga

Ponente: Lis Marques de Carvalho e Viera, lismarques120@gmail.com

RESUMEN: Hemosporidians of the genus *Leucocytozoon* are poorly reported in the Neotropical lowlands, including Brazil, and only few recent studies have detected infections by these parasites only molecularly. Here, we describe for the first time, the morphology of a *Leucocytozoon* sp. nov. in the blood of the non-migratory *Cariama cristata*, a bird endemic to South America, in co-infection with *Haemoproteus pulcher*. Molecular analyses of the cytb gene and mtDNA genome recovered the CARCRI01 lineage which has already been found in three other seriema specimens from the Brazilian Cerrado. These findings allowed us to infer that *Leucocytozoon* infection in Brazil is not abortive, thus confirming the transmission of this parasite in the territory. The mtDNA genome analyses of *H. pulcher*, a parasite initially described in a specimen of *C. cristata* in southeastern Brazil, confirmed its close relationship with *Haemoproteus catharti*. Both parasites share a common ancester with *Haemocistydium* spp., potentially representing new genera to be described. The linkage of morphology and molecular data of a new *Leucocytozoon* species, and a new molecular characterization of *H.pulcher* may contribute to a better understanding of the evolutionary biology within the order Haemosporida.

CARTEL CIENTÍFICO

Casuísticas de casos en salud de animales silvestres y domésticos en parques urbanos: ¿existen relaciones con abuso humano?

Lucas Belchior Souza de Oliveira | Camila Stefanie Fonseca de Oliveira

Ponente: Lucas Belchior Souza de Oliveira, belchiorl@hotmail.com

RESUMEN: Los parques urbanos tienen una función importante como microbiomas, siendo refugio para animales silvestres, lo cual puede ser dificultado por las interacciones con seres humanos, animales domésticos y exóticos, impactando en las estrategias de manejo de fauna desde un enfoque de salud única. Este resumen tiene como objetivo presentar la casuística de casos de salud en animales silvestres y domésticos en un parque urbano central. Se utilizaron datos secundarios obtenidos del Parque, en la región central de Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, entre los años 2010 y 2018. Se estudiaron variables como especie o orden animal, área interna de procedencia, intensidad de actividad humana, año de ocurrencia, sexo, grupo de edad, resultados posteriores al tratamiento y relaciones de interacción con impactos antrópicos. Se registraron 455 eventos con animales, principalmente felinos domésticos (22%), marsupiales (21%), anseriformes (13%) y peces (11%). En total, 347 (76,26%) fallecieron, 47 (10,33%) fueron dados de alta y 37 (8,13%) fueron remitidos. La proporción de fallecimientos fue diferente a la proporción de altas, remisiones y eutanasias ($p<0,01$). Los passeriformes estuvieron asociados con el resultado de la remisión (4,84%, $p<0,05$), los Didelphimorphia (15,82%, $p<0,05$) y los Anseriformes (11,65%, $p<0,05$) con el resultado de fallecimiento. Se observó una diferencia entre la cantidad de animales encontrados en áreas con bajo nivel de actividad en comparación con las demás áreas. Se encontró una asociación significativa entre los Didelphimorphia y la actividad intermedia (7,91%, $p<0,05$), los Anseriformes con actividad elevada (9,45%, $p<0,05$) y los peces con actividad elevada (7,91%, $p<0,05$). Debido a la escasez de datos epidemiológicos sobre la incidencia de muertes y enfermedades en lugares de refugio para la fauna, es importante recopilar esta información para fortalecer las medidas de manejo de fauna en estos entornos.

Aportes de datos x-ómicos al abordaje de una parasitosis: El caso de *Dioctophyme renale*

Lucas Federico Arce | Martín Sebastián Sisti | Laura Kamenetzky | Gisela Raquel Franchini

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

RESUMEN: Las nuevas técnicas de secuenciación masiva de biomoléculas han permitido ahondar en el conocimiento de distintos clados de metazoos, no sólo a nivel molecular sino también poblacional y evolutivo; permitiendo así tomar medidas para la conservación y el control a la vez que desarrollar tecnología para el abordaje de los brotes. Uno de los agentes de interés en la región es *Dioctophyme renale* un nemátodo parásito zoonótico que produce infecciones debilitantes e incluso fatales en el riñón de mamíferos. 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. Los métodos diagnósticos actuales son difíciles de implementar debido a que el equipo necesario es difícil de trasladar al campo o a la baja sensibilidad, frecuentemente dando como resultados falsos negativos. Adicionalmente, las personas que viven en condiciones sanitarias precarias y bajos recursos educativos consumen los potenciales hospedadores paraténicos incrementando el riesgo de infectarse, así como también contribuyendo con la persistencia del ciclo de vida del parásito alimentando a sus perros con carne cruda de dichos hospedadores. Tomando como base el genoma y utilizando datos de proteómica de muestras de esófago y líquido de excreción/secreción de este parásito se buscaron proteínas específicas que podrían ser utilizadas como blanco de diagnóstico de dioctofimosis. Se identificaron 4 proteínas que podrían tener actividad antigénica durante la infección. Se diseñaron primers para clonarlas y expresarlas para poder ser expuestas a suero de perro infectado y no infectado mediante la técnica de Western Blot y así ver su inmunogenicidad. En este trabajo se lograron determinar posibles marcadores proteicos de infección con *D. renale*.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Impacto de la extracción de animales silvestres en Guatemala.

Manuel Lepe

Ponente: Manuel Lepe, malepelopez@gmail.com

RESUMEN: La extracción de animales silvestre por comercio ilícito representa una amenaza para la conservación de la selva maya Guatemala. Este estudio explora las tendencias de animales silvestres en cautiverio como una forma de estimar la magnitud, los patrones y las posibles consecuencias de la extracción descontrolada. Revisamos registros gubernamentales de la tenencia de especímenes de 1991 hasta 2014. Los registros en papel fueron transcritos a un ordenador agregando cantidades, taxonomía, geolocalización, criterios CITES y UICN. Se recuperó información de 13,425 especímenes, pertenecientes a 10 clases, 56 ordenes, 138 familias, 302 géneros y 387 especies. El 47% son nativas y el 53% exóticas. De las nativas el 12% están clasificadas en apéndice I de CITES, 39% en II y 21% en III (28% no incluidas). Sobre el patrón poblacional el 33% presentan poblaciones decrecientes, el 28% estables, 7% en incremento y 32% sin información UICN. Sobre el criterio de la lista roja el 1% están en peligro crítico, 7% en peligro, 4% vulnerable, 5% casi amenazada, 73% preocupación menor y 10% sin información. Se evaluaron las cantidades de especímenes en modelos lineales mixtos generalizados con distribución negativa binomial usando como efectos fijos significativos la clase taxonómica, los criterios CITES y como efecto aleatorio el propietario de la colección. Las especies nativas de la clase Reptilia (p-valor; 0.05) y Mammalia (p-valor; 0.001) considerados en los aprendices I y II de CITES (p-valor; 0.001) presentan conteos significativos respecto las especies exóticas. Se identifican patrones negativos de extracción para la conservación de los géneros *Abronia*, *Heloderma*, *Phantera*, *Alouatta* y *Tapirus* entre otros. Se discuten la priorización de estudios poblacionales para algunas especies de estos géneros y el papel de las personas dadas las cantidades de extracción en Guatemala.

Identificación de roedores como hospedadores de *Trypanosoma* spp. en el altiplano de Chile

Marcelo Hasbún | Martin Zamorano | Sebastián González | Sofía Robbiano | Pablo Espinoza | Carezza Botto-Mahan | Antonella Bacigalupo | Sebastián Muñoz-Leal

Ponente: Marcelo Hasbún, mhasbun2017@udec.cl

RESUMEN: Los roedores actúan como reservorios de diversos agentes infecciosos, tales como protozoos del género *Trypanosoma*. Estos microorganismos pueden ser visualizados en extendidos sanguíneos de sus hospedadores vertebrados por medio microscopía óptica. En Chile, *Trypanosoma cruzi* es transmitido por insectos vectores triatominos *Triatoma infestans* y *Mepraia* sp., desde el extremo norte a la zona central del país. Además, algunos registros reportan *T. cruzi* en camélidos sudamericanos y viviendas localizadas en el altiplano de Chile, sobre los 3000 msnm. Sin embargo, a pesar de que existen reportes de roedores como hospedadores de *T. cruzi* en el país, el rol de estos vertebrados en el ciclo de *Trypanosoma* spp en el altiplano de Chile no ha sido explorado. El objetivo de este estudio consistió en detectar la presencia de hemoparásitos del género *Trypanosoma* en extendidos sanguíneos de roedores del altiplano chileno. Entre septiembre y octubre de 2022 se capturaron 65 roedores pertenecientes a la familia Cricetidae (25 *Akodon* sp. y 40 *Phyllotis* sp.) en la localidad de Socoroma (3060 msnm), Región de Arica y Parinacota, Chile (18°15'49"S 69°36'08"O). Los ejemplares fueron anestesiados y se colectó una gota de sangre para confección de extendidos sanguíneos, los que fueron fijados en metanol, teñidos con solución de Giemsa y observados por microscopía óptica de campo claro. Del total de muestras analizadas, 18 presentaron tripomastigotes correspondientes a *Trypanosoma* sp. en sangre, totalizando 42.5% en Phyllotis y 4.0% en Akodon. Los resultados de este estudio corresponden a la primera evidencia de *Trypanosoma* infectando roedores del altiplano chileno. Aún cuando los hemoparásitos no fueron identificados a nivel de especie, nuestros resultados resaltan a comunidades de roedores cricétidos altoandinos como portadores de *Trypanosoma* y generan nuevas interrogantes respecto a su relevancia y transmisión. Proyecto Fondecyt Iniciación 11220177.

CARTEL CIENTÍFICO

Pathological findings in wild carnivores killed by vehicle collisions on highways in the state of Sao Paulo, Brazil.

Maria Alejandra Arias Lugo | Silvia Juliana Ortiz | Nádia Elisa Gonçalves | Mauricio Candido da Silva | Danilo Leme Souza | Claudia Momo | José Luiz Catão-Dias | Pedro Enrique Navas Suarez

Ponente: Maria Alejandra Arias Lugo, alearias0714@gmail.com

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Road mortality can be a threat to wildlife since it increases unnatural mortality, and for threatened species, the loss of specimens due to this type of process can generate greater risks of extinction (from a local perspective). In São Paulo, the estimated mortality due to road mortality of medium and large mammals can exceed 39 thousand individuals, with carnivores being the second most affected group. Accessing the carcasses of roadkill animals can offer a unique opportunity to understand the relevant pathological processes for these populations; that being said, the objective of this work is to identify the pathological findings of wild carnivores on highways in the state of São Paulo. Between January 2022 and April 2023, 22 carnivore carcasses from four different families (Canidae, Felidae, Mustelidae and Procyonidae) were collected. Macroscopically, within the injuries associated with vehicular trauma, the most frequent were: bone fractures (100%, n=22), especially the skull (59.1%, n=13); rupture of abdominal/thoracic organs (liver, kidney, spleen, lung, heart, gastrointestinal tract) was the second most frequent lesion (59.1%, n=13). The most frequent findings not associated with trauma were: infection and infestation by endoparasites (36.4%, n=8) or ectoparasites (31.8%, n=7), respectively. In two coatis, larval structures of nematode morphology (suggestive of Dirofilaria) were observed within the cardiac chambers. These results show the importance of the anatomopathological study of specimens from road mortality for the knowledge of infectious agents in wildlife.

Contributions of road mortality to the knowledge of pathogens in wild carnivores: molecular screening of RNA viruses

Maria Alejandra Arias Lugo | Silvia Juliana Ortiz | Arícia Duarte-Benvenuto | Roberta Ramblas Zamana | Nádia Elisa Gonçalves | Danilo Leme Souza | Mauricio Candido da Silva | Paulo Eduardo Brandão | Claudia Momo | Pedro Enrique Navas-Suarez | José Luiz Catão-Dias

Ponente: Maria Alejandra Arias Lugo, alearias0714@gmail.com

RESUMEN: Environmental anthropic changes have increased interactions between humans, domestic and wild animals. This process can favor the transmission of pathogens between species with potential devastating outcomes such as population decline and pandemics. It is ideal to implement programs for passive monitoring of wildlife to evidence the health of these populations and to prevent pandemic events. For instance, samples obtained from free-ranging roadkill animals allow the understanding of a broader picture of pathogens circulating in these populations. Therefore, this study aimed to investigate the occurrence of RNA viruses in wild carnivores killed by vehicle collisions on highways in the state of São Paulo. Between 2022 to 2023, 28 road-killed carnivores were necropsied and samples were collected for histopathology and molecular assays. Individuals belonged to the families Canidae (n=7), Felidae (n=11), Mustelidae (n=4) and Procyonidae (n=6). Total RNA was extracted from lung, kidney, mesenteric lymph node, and brain using the RNeasy mini kit (Qiagen,Valencia, CA, USA), following the manufacturer's instructions. The extracted RNA (n=112) was tested by conventional RT-PCR to partially amplify the nucleoprotein (N) and phosphoprotein (P) genes of Rabies Virus (RV) and Canine Distemper Virus (CDV). Gross and microscopic findings demonstrated mostly trauma-associated lesions associated with the car collision and most individuals were adults (19/28) in good body condition (19/28). However, 16/28 (57%) presented enlarged mesenteric lymph nodes indicative of a high degree of intestinal parasitism or suggestive of gastrointestinal infectious disease, and 2/28 (7%) had enlarged tonsils possibly indicative of reactivity to an infectious agent. All samples were RT-PCR-negative for RV and CDV. Ongoing studies will screen for severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) and Feline Infectious Peritonitis (FIP) by RT-PCR in all mentioned extracted samples, and expand the RNA-viruses survey for domestic carnivores road-killed in the same highways, to increase the knowledge about potential spill-overs.

Parasitismo en aves del Neotrópico

María José Tolsá García | Paulina Alvarez Mendizabal | Diego Santiago-Alarcon

Ponente: María José Tolsá García, mariajosetolsag@gmail.com

RESUMEN: En la zona neotropical habita aproximadamente el 30% de las especies de aves del mundo. Por su ecología, las aves silvestres desempeñan un elemento importante en la transmisión de parásitos zoonóticos; los cuales representan una amenaza para la conservación de la vida silvestre, la economía y salud humana. Sin embargo, la relación con sus parásitos es poco estudiada. Nuestro objetivo fue describir los parásitos reportados en aves silvestres que habitan en la zona Neotropical. Realizamos una revisión bibliográfica considerando todos los estudios en aves silvestres del Neotrópico para 5 grupos de parásitos: virus, bacterias, protozoarios, hongos y animales (artrópodos, platelmintos, rotíferos y nemátodos). Analizamos 150 estudios que corresponden a 15 países, 168 especies de aves y 340 especies de parásitos. El país con mayor número de observaciones de parásitos fue Brazil, el orden de aves con mayor riqueza de parásitos fue el Paseriformes y el tipo de parásito mejor reportado fue el animales. Observamos que la riqueza de especies de aves y la de parásitos registrados entre los países se encuentran asociadas positivamente. A pesar de que las aves son un grupo ampliamente estudiado y ecológicamente complejo, aún existen importantes vacíos en el conocimiento de los parásitos que se asocian a ellas. Este desconocimiento representa una amenaza para su conservación, aprovechamiento económico, así como las implicaciones en la salud humana.

Toxoplasmosis en lémures cola anilla (*Lemur catta*), bajo cuidado profesional. Diagnóstico clínico-patológico y molecular.

MARIELA TERESA DÍAZ NEGRETE | BLANCA VALLADARES RIVEROLL | JAVIER OJEDA CHÁVEZ | FERNANDO GUAL SILL | JUAN JOSÉ TORRES AVILÉS

Ponente: MARIELA TERESA DÍAZ NEGRETE, mdiaz.sma@gmail.com

RESUMEN: La toxoplasmosis se considera una zoonosis de distribución mundial. En animales silvestres, tiene una presentación particular según la especie, afectando diferentes órganos o sistemas. En primates de nuevo mundo, se ha observado un cuadro agudo y generalmente fatal. En el caso de suricatas y lémures, se ha reportado una toxoplasmosis diseminada; en mamíferos marinos se ha identificado un cuadro de tipo cerebral, y una toxoplasmosis crónica en canguros y zorrillos. No obstante, dichas presentaciones no son específicas, pudiendo existir o desarrollarse otros cuadros clínicos. El presente trabajo trata de dos ejemplares de lémur de cola anillada Lemur catta, quiénes fallecieron con cuatro días de diferencia. Los hallazgos clínicos en ambos ejemplares incluían depresión, incoordinación, presencia de gas, y líquido en tracto gastrointestinal, posible hepatomegalia, linfonodos poplíteos reactivos, hiporexia y letargia. Se realizó la necropsia y estudio histopatológico en ambos casos, observándose entre los hallazgos histológicos una hepatitis necrótica con presencia de estructuras sugerentes de taquizoitos de *Toxoplasma gondii*, así como neumonía intersticial y lesiones congestivas. Se realizó PCR a partir de tejido hepático de ambos lémures, obteniendo un fragmento de 529pb correspondiente a la región REP de T. gondii, así como a partir de pulmón y encéfalo de uno de ellos, saliendo positivo en los dos órganos. En México se han realizado diversos estudios sobre la seroprevalencia de toxoplasmosis en fauna silvestre, no obstante, son escasos los trabajos donde se utilizan diferentes metodologías para un diagnóstico integral. Mediante el uso de histopatología y herramientas moleculares (PCR), se logró identificar la presencia de *T. gondii* en diferentes tejidos de ambos ejemplares. Estos casos toman relevancia debido a que dichas especies son altamente susceptibles a la toxoplasmosis, por lo que un diagnóstico integral es fundamental para implementar medidas de prevención y control.

CARTEL CIENTÍFICO

First detection of mastadenovirus in bats of Atlantic Forest of Rio de Janeiro, Brazil

Beatriz Vilete Dias | Natália Maria Lanzarini | Marcia Terezinha Baroni de Moraes e Souza | Patricia Emilia Bento Moura | Ricardo Moratelli Mendonça da Rocha | Roberto Leonan Morim Novaes | Sócrates Fraga Da Costa Neto | Marize Pereira Miagostovich | Maria Ogrzewalska | Marina Galvão Bueno

Ponente: Marina Galvão Bueno, buenomg@gmail.com

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Bats are rich in species, distributed across the planet and are associated with several viral diseases with zoonotic potential. The bat adenovirus (BatAdV) has already been detected in different bat species worldwide. BatAdV epidemiology requires investigation especially in countries with high biodiversity, such as Brazil. In order to detect BatAdV from an Atlantic Forest in Rio de Janeiro (Brazil), from 2019 to 2022, feces and rectal swabs were collected from 321 bats. After nucleic acid extraction, nested-PCR was performed with pan-adenovirus primers to a conserved region of the DNA polymerase gene and Sanger nucleotide sequencing performed. Twelve bats (3.7%; 12/321) were positive: *Artibeus lituratus* (66.7%; 8/12), *Platyrrhinus lineatus* (16.7%; 2/12), *Sturnira lilium* (8.3%; 1/12) and *Desmodus rotundus* (8.3%; 1/12). Positive females (83.3%; 10/12) were predominant over males (16.7%; 2/12); OR 5.8 (95%CI 1.25-26.92; =0.02). Sanger sequencing revealed 68-100% nucleotide variability with BatAdV sequences from Brazil. Two sequences had 99-100% identity with BatAdV sequences detected in bats of Southern Brazil. One sample detected in *P. lineatus* presented an identity of 100% with BatAdV detected in the same species, in Brazil, and eight sequences (detected in *A. lituratus*) were 100% similar to each other. Phylogenetic matrix revealed 25%–40% of distance between the sequences from this study and reference sequences of BatAdV. Our analysis could suggest a possible new species of BatAdV. Deep sequencing will help to elucidate the possibility of this hypothesis. Our study adds new information on the occurrence of BatAdV detected in the Atlantic Forest of Brazil, and corroborates with the One Health approach, which highlights the importance of ecological studies for the surveillance of infectious diseases with zoonotic potential.

Surveillance of Rotavirus A in bats from an Atlantic Forest remnant in the metropolitan region of Rio de Janeiro, Brazil

Joana Medina Maçaira | Marcia Terezinha Baroni de Moraes e Souza | Meylin Bautista Gutierrez | Juliana da Silva Ribeiro de Andrade | Beatriz Vilete Dias | Patricia Emilia Bento Moura | Túlio Machado Fumian | Marize Pereira Miagostovich | Roberto Leonan Morim Novaes | Sócrates Fraga Da Costa Neto | Ricardo Moratelli Mendonça da Rocha | Maria Ogrzewalska | Marina Galvão Bueno

Ponente: Marina Galvão Bueno, buenomg@gmail.com

RESUMEN: Bats are the second richest group of mammals in number of species and harbor a wide diversity of zoonotic viruses. Rotavirus A (RVA), which causes acute gastroenteritis in humans and animals, have been detected in bats. Our study aimed to detect RVA in feces and rectal swabs samples collected from bats from an Atlantic Forest remnant in Rio de Janeiro, Brazil. Samples of 321 bats were collected from 2019–2022, and RVA was screened by one-step RT-qPCR. Three animals were positive for RVA (0.93% CI 95%; 0.31-2.71%), including two adult females of span is pan style="font-weight: *Artibeus lituratus* sampled on the same day and location and one adult male of *Carollia perspicillata*. For genotyping, sanger sequencing was also performed, targeting structural and nonstructural gene segments. One sample (ID FMA522) from *A. lituratus* was genotyped as G20 (VP7 gene), and showed 97% of similarity with G20P[28] strain detected in a child from Suriname in 2013. The other genes (VP1, VP2, VP3, VP6, NSP5, NSP2) also showed 93-96% of similarity with the same sequence G20P[28]. VP7, VP1, VP3, VP6, and NSP2 proteins demonstrated 88-96% of similarity with a bat-RVA detected in Costa Rica, in 2010. We detected the G20 genotype in a bat from the Atlantic Forest of Rio de Janeiro. A similar genotype was previously described in humans from South America and also in bats from São Paulo State, Brazil. The RVA constellation of sample (FMA522) can reinforce the previous hypothesis that bats are reservoirs for RVA strains. Indeed, interspecies transmission and reassortment of RVA gene segments contribute to its evolution and diversity, highlighting the importance of integrated and active long-term ecological surveillance, in accordance with the One Health approach.

CARTEL CIENTÍFICO

Lyperosomum sp. (Digenea: Dicrocoeliidae) en pequén (Strigiformes: Athene *cunicularia*): nueva asociación hospedero-parásito

Martín Zamorano Uribe | Javier Andrade | Sebastián Muñoz Leal | Pablo Oyarzún Ruiz

Ponente: Martín Zamorano Uribe, martin.zamorano.uribe6@gmail.com

RESUMEN: Los trematodos son parásitos de ciclos heteroxenos que utilizan vertebrados como hospederos definitivos, e invertebrados, principalmente, como hospederos intermediarios. Los trematodos de la familia Dicrocoeliidae se alojan en la vesícula y conductos biliares en aves de diferentes órdenes. En específico, el género *Lyperosomum* (Digenea: Dicrocoeliidae) se encuentra en aves del orden Passeriformes, aunque también ha sido reportado en Accipitriformes, Coraciiformes y Galliformes de Asia, Europa y las Américas. Con el objetivo de pesquisar la presencia de trematodos Dicrocoeliidae en aves del orden Strigiformes, se realizó la necropsia parasitaria de 29 chunchos (*Glaucidium nana*), ocho tucúqueres (*Bubo magellanicus*), cinco nucos (*Asio flammeus*) y cuatro pequenes (*Athene cunicularia*) procedentes de las regiones del Ñuble y Biobío, Chile, entre los años 2018 a 2023. Las aves estudiadas fueron encontradas atropelladas o remitidas al laboratorio tras fallecer durante su rehabilitación. En total, se colectaron dos vermes adultos de *Lyperosomum* sp. desde la vesícula biliar de un individuo de *A. cunicularia*. *Lyperosomum* han sido registrados previamente en Brasil, parasitando a la gaviota dominicana (Charadriiformes: *Larus dominicanus*), caraú (Gruiformes: *Aramus guarauna*) y gorrión de pajoral (Passeriformes: *Ammodramus humeralis*); en Guyana parasitando pavón guyanés (Galliformes: *Crax alector*); en Argentina parasitando a la cigüeña americana (Ciconiiformes: *Ciconia maguari*), batará grande (Passeriformes: *Taraba major*), y en Estados Unidos existen registros en cernícalo (Falconiformes: *Falco sparverius*), águila pescadora (Accipitriformes: *Pandion haliaetus*) y gavilán de Cooper (Accipitriformes: *Accipiter cooperii*). Cabe destacar que, aunque otros géneros de la familia Dicrocoeliidae (*Brachylecithum*, *Athesmia*) si han sido reportados en aves del orden Strigiformes, no existen reportes de estrígidos actuando como hospederos de *Lyperosomum spp*. en el mundo. Además, este registro representa el primero en un ave nativa de Chile. .Financiamiento: FONDECYT Postdoctorado n°3230461, FONDECYT Iniciación n°11220177.

.Lycalopex culpaeus colonizados por clon de Escherichia coli resistente a antimicrobianos de importancia crítica en el extremo Sur de Sudamérica.

Montserrat Del Campo-Parod | Ezequiel Hidalgo-Hermoso | Valentina Jerez | Francisca Pedrero | Jorge Barraza | Brandon Nuñez | Fredy Riquelme | Javier A. Simonetti | Darío Moreira-Arce | Javier Cabello | Sebastián Muñoz-Leal | Maximiliano Matus-Köhler | Andrés Opazo-Capurro | Danny Fuentes-Castillo

Ponente: Montserrat Del Campo-Parod, mdelcampo2018@udec.cl

RESUMEN: Bacterias resistentes a antimicrobianos, especialmente Enterobacterales productores de β-lactamasas de espectro extendido (E-BLEE), se han vuelto una amenaza no solo para humanos y animales domésticos, sino que también para animales silvestres. Si bien los E-BLEE predominan en ambientes clínicos, se han adaptado a diferentes hospederos y ambientes, llegando a colonizar lugares remotos. El zorro culpeo (*Lycalopex culpaeus*), es un cánido silvestre con amplio rango de distribución por el oeste de Sudamérica, que ha servido como especie centinela para la detección de patógenos bacterianos, virales y endo- y ecto-parásitos. El objetivo de este trabajo es evaluar la presencia de E-BLEE usando zorros culpeos como bioindicadores en Isla Riesco, Región de Magallanes y la Antártica Chilena. Durante enero del 2023, se tomaron hisopados rectales de seis zorros culpeo capturados con trampas Tomahawk. Posteriormente, las muestras se sembraron en agar MacConkey suplementado con ceftriaxona (2µg/mL) e incubadas a 37°C por 24 horas. Los aislados positivos fueron confirmados con pruebas bioquímicas y se les realizó pruebas de susceptibilidad antimicrobiana (Kirby Bauer) utilizando sensidiscos de amoxicilina+acido clavulánico, ceftiofur, cefepime, cefovecin, cefoxitin, cefazolin, ceftazidima, meropenem, imipenem, cloranfenicol, enrofloxacino, sulfa-trimetoprim, gentamicina, amikacina y tetraciclina. La producción de BLEE fue confirmada mediante test de sinergismo de doble disco. Tres individuos presentaron *Escherichia coli* productoras de BLEE, multirresistentes a cefalosporinas, fluoroquinolonas, sulfadiazinas, trimetoprim y tetraciclinas. Además, para evidenciar relación clonal, se realizó ERIC-PCR, que arrojó que las tres *E. coli* eran molecularmente clones. Nuestros resultados revelan que bacterias resistentes consideradas de importancia crítica según la OMS, han llegado a colonizar ambientes remotos del sur del planeta. Es importante destacar que este registro de *E. coli* portadora de BLEE en zorros culpeos puede significar que otras especies estén también siendo colonizadas por estos patógenos, siendo una amenaza para la vida silvestre y el medioambiente.

CARTEL CIENTÍFICO

Envenenamiento por mordedura de serpiente en animales de compañía y con fines pecuarios en Costa Rica: un enfoque desde la visión "Una Salud"

Natalia Montero Leitón

Ponente: Natalia Montero Leitón, natamonter@gmail.com

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Los envenenamientos por mordeduras de serpientes han sido considerados como una enfermedad tropical desatendida y representan un problema de salud humana y animal, afectando especialmente poblaciones rurales y recientemente, zonas de expansión urbano-demográfica, donde el acceso a la seroterapia es escaso. Los animales empleados en labores agrícolas son los que mayormente se ven afectados por los accidentes por mordedura de serpientes, esto debido a la expansión agrícola y el uso de terrenos para pastoreo extensivo, que traslapa con potenciales hábitats ocupados por serpientes, lo cual torna el accidente ofídico en un punto sensible de salud y bienestar animal. La pérdida de estos animales para trabajo puede impactar severamente la forma de vida de agricultores, así como afectar negativamente la seguridad en la disponibilidad de alimento. Por otro lado, se ha registrado un incremento en los reportes de animales de compañía que han sufrido mordeduras por serpientes venenosas, lo que conlleva una alta carga económica y emocional a las personas afectadas. A pesar de que en los centros veterinarios cuentan con disponibilidad del suero antiofídico y el médico ha empezado a tener una mayor conciencia de abordaje clínico; favoreciendo esto la probabilidad de sobrevida y baja morbilidad en los animales, existe aún mucho camino por recorrer, en cuanto a la primera acción oportuna de los propietarios y desmitificación en el uso de tratamientos alternativos. Por tanto, el impacto real en salud y bienestar animal como consecuencia del envenenamiento ofídico no ha sido atendido, o bien, es subregistrado. Finalmente, el accidente ofídico veterinario debe ser abordado desde una estrategia "Una Salud", donde los componentes sociales y de hábitat deben ser incorporados en la elaboración de protocolos locales y regionales para el tratamiento efectivo del envenenamiento, junto con un proceso de sensibilización de las partes implicadas y tomadores de decisiones sanitarias.

Accounting for bias in prevalence estimation: The case of a globally emerging pathogen

Hugo Sentenac | Andrés Valenzuela-Sánchez | Natashja Haddow-Brown | Soledad Delgado | Claudio Azat | Andrew A. Cunningham

Ponente: Natashja Haddow, nhaddowbrown@gmail.com

RESUMEN: La observación imperfecta de hospederos y patógenos puede causar un sesgo en la estimación de parámetros epidemiológicos claves. Este trabajo evaluó los efectos combinados de la detección imperfecta del patógeno y la pseudoreplicación del hospedero en la estimación de la prevalencia de la infección de *Batrachochytrium dendrobatidis* (Bd) en la ranita de Darwin (*Rhinoderma darwinii*). Este patógeno causa la quitridiomicosis en anfibios, enfermedad responsable de la mayor pérdida de biodiversidad documentada debido a una enfermedad infecciosa. Entre noviembre de 2018 y marzo de 2019, realizamos 1.085 capturas de 641 individuos de *R. darwinii* en dos zonas del sur de Chile. Las capturas fueron identificadas individualmente para eliminar la pseudoreplicación del hospedero, se les tomaron dos hisopados cutáneos consecutivos, y cada hisopado se analizó en duplicado por qPCR para detectar Bd. Para la estimación robusta de la prevalencia del periodo, se utilizó un modelo Bayesiano de ocupación multiescala que considera la detección imperfecta del patógeno derivada del proceso de muestreo y de la prueba diagnóstica. Además, utilizando un modelo matricial poblacional determinístico, ilustramos cómo el método escogido para estimar la prevalencia influencia nuestras conclusiones sobre el impacto del patógeno en las trayectorias de la población hospedera. Mostramos que la prevalencia de Bd podría subestimarse en un 55% si no se consideran los falsos negativos y la pseudoreplicación del hospedero. La pseudoreplicación tuvo un mayor impacto en la subestimación de la prevalencia, y modificó nuestra interpretación de los efectos de Bd, pasando de una población casi estable cuando utilizamos la prevalencia no corregida a una población en declinación cuando utilizamos nuestra estimación robusta de la prevalencia. Estos resultados destacan la importancia de utilizar métodos robustos al proveer información para la evaluación del riesgo de enfermedades o para asignar eficientemente recursos a estrategias de mitigación de enfermedades infecciosas.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Detección de rotavirus a, b y c en muestras de heces de lobo fino austral (*Arctocephalus australis*) de la isla Guafo, Chiloé, Chile

Nicolás Carrasco Fredes

Ponente: Nicolás Carrasco Fredes, nicolas.carrasco.f@ug.uchile.cl

RESUMEN: La infección por rotavirus es una preocupación en salud pública de larga data. Es una enfermedad que afecta en sus primeras etapas de vida a varias especies de mamíferos, incluyendo al humano. Esta propiedad de ser una enfermedad zoonótica la posiciona como una enfermedad de interés para su estudio. El principal signo asociado a la infección por rotavirus es la diarrea, la cual suele afectar predominantemente a neonatos y animales menores a un año. No existen estudios específicos de rotavirus en otaríidos en nuestro país, por lo que su pesquisa no solo tiene un impacto para el estudio de la enfermedad, y los esfuerzos de develar su situación epidemiológica actual. Sino que se muestra como un trabajo innovador de salud pública bajo la mirada de One Health y los nuevos paradigmas que supone. En un trabajo colaborativo se obtuvieron un total de 71 muestras de heces de lobo fino austral Arctocephalus australis de la colonia ubicada en la Isla Guafo en el Archipiélago de Chiloé. Las cuales fueron sometidas a la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR) para rotavirus A, B y C (RVA, RVB, RVC). De las cuales se detectó la presencia del virus en cuatro (5,6%) muestras de RVA y nueve (14%) muestras de RVC, y no se detectaron muestras positivas de RVB. Estudios realizados en otariídos presentes en otros países demostraron la presencia de RVA y la detección de fragmentos aislados del genoma de RVB y RVC. Este estudio, pionero en la detección de rotavirus en mamíferos marinos de Chile, logra demostrar mediante la técnica RT-PCR la presencia de RVA y RVC en lobo fino austral. Destaca la presencia de una muestra de RVC con un valor de 28,6 CT, altamente sospechosa de infección sintomática en la colonia.

Dinámica estacional de las comunidades de mosquitos (Diptera: Culicidae) en un gradiente de urbanización en Yucatán, México

Omar García-Suárez | María José Tolsá-García | Víctor Rodríguez-Valencia | Roger Arana-Guardia | Stanislas Talaga | Paulina Pontifes | Gerardo Suzán | David Roiz

Ponente: Omar García-Suárez, omar.gasu22@gmail.com

RESUMEN: Los virus transmitidos por mosquitos como el dengue, Zika o las encefalitis equinas tienen eventos de emergencia y re-emergencia continuos, siendo un problema constante para la salud pública y animal. Se han caracterizado ciclos de transmisión urbanos, rurales y selváticos, sin embargo, los cambios en el uso de suelo, y la variación estacional pueden afectar sus dinámicas de transmisión. El objetivo de este trabajo es identificar el efecto del cambio de uso de suelo y de las variables climáticas sobre las comunidades de mosquitos de Yucatán, México. Se muestrearon nueve localidades, con tres réplicas, en un gradiente de uso de suelo (urbano, rural, natural). De junio 2021 a junio 2022 se capturaron mosquitos quincenalmente utilizando trampas BG-sentinel. Los mosquitos fueron identificados a nivel de especie mediante las claves taxonómicas. Se obtuvo la temperatura media, máxima y mínima semanal y los patrones de lluvia se caracterizaron mediante acumulados semanales de precipitación. Se capturaron 103,568 mosquitos, (49 especies de 11 géneros). La riqueza de especies fue mayor en los ambientes naturales (41), que en la zona rural (33) y urbana (7). *Aedes taeniorhinchus* fue la especie más abundante, estando presente principalmente en el hábitat natural. *Culex quinquefasciatus* estuvo presente en los 3 hábitats, siendo más abundante en el urbano. En el hábitat rural *Ae. aegypti* fue abundante durante el verano, disminuyendo al final de este, aumentando la presencia de *Ae. albopictus*. En el hábitat natural, *Ae. serratus* y el complejo *Culex* (*Melanoconion*) presentaron un pico en su abundancia al final de la estación lluviosa. Los resultados obtenidos aportan información relevante para caracterizar los patrones estacionales de las comunidades de mosquitos de la región y la influencia del uso de suelo sobre estas. Estos resultados son relevantes para la implementación de medidas de prevención y control de virus emergentes transmitidos por mosquitos.

CARTEL CIENTÍFICO

Caracterización morfológica y molecular de Trematodos (*Platyhelminthes*) del murciélago perro mayor *Peropteryx kappleri* (*Emballonuridae*) en Chajul, Chiapas, México

Nallely Ruiz Torres | David Iván Guadalupe Hernández Mena | Karen Uxue Martínez-Pérez | Shamayin Martínez Sánchez | Luisa Falcón Álvarez | Osiris Gaona Pineda | Luis García Prieto | Oscar Rico Chávez

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: En México pocos son los estudios parasitológicos, tal es el caso del murciélago *Peropteryx kapleri*, del cual únicamente se tiene registrada la parasitofauna asociada en su distribución en Colombia y Brasil. El presente estudio representa el primer trabajo sobre metazoarios parásitos asociados a este murciélago en su área de distribución mexicana. La captura de los hospederos se realizó en la localidad de Chajul, Chiapas, México. La colecta de endoparásitos in situ y fueron fijados y conservados de acuerdo con su grupo taxonómico para morfología y en OH al 96 % para su caracterización molecular. Para evaluar los caracteres tradicionalmente usados para describir y determinar a las especies de helmintos se recurrió a la literatura especializada. El registro parasitológico de *P. kapleri* está conformado por cuatro especies de platelmintos, pertenecientes a la clase Trematoda, tres de ellas localizadas en el intestino medio: *Castroia* sp 1 *Castroia* sp 2. y *Limatulum* sp. y un gusano plano pereciente a la familia Pleurogenidae localizado en la vesícula. Obtuvimos secuencias de ADN del gen nuclear del 28S de 31 ejemplares de las especies anteriormente mencionadas. Esta información, en conjunto con la de otros platelmintos disponible en GenBank de la súper familia Microphalloidea, se integró para generar una hipótesis filogenética usando máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. Los resultados confirman la monofilia de la súper familia al igual de los géneros integrados en la familia Lecithodendiidrae, sin embargo, el trematodo encontrado en la vesícula no conforma un grupo monofilético a los géneros ya descritos para *Pleurogenidae*, por lo que estaríamos considerando la validación de una nueva familia. Estos hallazgos constituyen la primera descripción parasitológica para *Peropteryx kapleri* en México, presentando nuevos registros de localidad y de hospedero para todas las especies de parásitos mencionadas.

Análisis de la variación en la microbiota de murciélagos filostómidos de México asociada al cambio en el paisaje

Shamayim Martínez Sánchez | Luisa Flacón Álvarez | Osiris Gaona Pineda | Nallely Ruiz Torres | Oscar Rico Chávez

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

RESUMEN: La microbiota es la colección de microorganismos que habitan e interactúan con un hospedero con efectos que van de benéficos a patogénicos. El apropiado estudio de su microbiota es importante para revelar las relaciones hospedero-microbiota y la posibilidad de albergar patógenos que pueden generar decline en las poblaciones de murciélagos. En el presente trabajo se analizó la microbiota de piel y heces de murciélagos de las especies: *Artibeus jamaicensis*, *Carollia sowelli* y *Glossophaga soricina*, en dos paisajes con diferente composición espacial. Los sitios de estudio corresponden a Chajul, Chiapas (predominantemente rural) y Vega de Alatorre, Veracruz (predominantemente ganadero), ambos dentro de la República Mexicana. Se amplificó la región V4 del gen de 16S rRNA por medio de PCR, los fragmentos amplificados se secuenciaron por medio de la plataforma Illumina Miseq 2x250 paired-end. Las secuencias obtenidas se analizaron mediante QUIIME, se analizó la disimilitud de comunidades microbianas entre las diferentes especies de murciélagos para entender los patrones de asociación entre la microbiota y sus hospederos. Los resultados indican que la microbiota de la piel es mayormente influenciada por características del ambiente, pues existió una alta similitud entre las comunidades dentro del mismo paisaje (ß=0.25) versus una baja similitud entre diferentes pasiajes (ß=0.67). Mientras que la microbiota en las heces esta mayormente influenciada por características del hospedero, al presentar una baja similitud en la composición de la microbiota entre especies (ß=0.35). En conclusión entender los factores que influencian la microbiota de fauna silvestre en ambientes con influencia de la actividad humana es clave en el enfoque de Una Salud.

CARTEL CIENTÍFICO

Efecto del uso del suelo sobre redes ecológicas murciélago-ectoparásito en el sur de México.

Laura Alvarez-Borla | Sonia A. Gallina-Tessaro | Javier Laborde | Oscar Rico-Chávez | Beatriz Bolívar-Cimé

Ponente: Oscar Rico Chávez, orich@unam.mx

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: La interacción murciélago-ectoparásito es el resultado de procesos coevolutivos que han dado origen a una de las asociaciones mamífero-insecto más diversificadas. Se ha sugerido que las actividades humanas pueden alterar la dinámica de dichas interacciones al limitar o facilitar el encuentro entre estos organismos. Sin embargo, la mayoría de los estudios se han enfocado en ambientes conservados, siendo escasa la información proveniente de ambientes perturbados. Para entender los efectos del cambio de uso de suelo sobre la interacción murciélago-ectoparásito evaluamos la estructura y diversidad de redes bipartitas huésped-parásito en paisajes con distintos usos del suelo en Yucatán, México. Realizamos muestreos de julio a octubre de 2021, en tres paisajes con distinto grado de perturbación: rural diversificado (RD), rural extensivo (RE) y urbano (U). Capturamos murciélagos con 10 redes de niebla por paisaje y colectamos ectoparásitos siguiendo una metodología estandarizada. Para cada paisaje construimos una red bipartita no dirigida y estimamos su tamaño, grado promedio, especialización, modularidad ponderada, anidamiento y diversidad de interacciones. Registramos 140 murciélagos de 9 especies (Familias: Phyllostomidae y Vespertilionidae), de los cuales 96 estaban parasitados (69%). Colectamos 490 ectoparásitos de 45 especies (Ordenes: Diptera, Parasitiformes, Acariformes y Phthiraptera). La interacción entre las comunidades de murciélagos y ectoparásitos fue especializada (H'=0.73 para RD, H'=0.75 para RE y H'=0.57 para U), independientemente de los atributos estructurales y de composición del paisaje que rodea a cada sitio de captura. Sin embargo, la perturbación sí afecta la diversidad de interacciones, siendo menos diverso el paisaje con mayor grado de perturbación antrópica (U). Los resultados sugieren que la transformación de los paisajes afecta la interacción murciélago-ectoparásito debido a la disminución de especies tanto de huéspedes como de parásitos.

Frecuencia de ectoparásitos en perros de la subregión Centro del estado de Tabasco, México

Zaragoza-Vera M1, Arjona-Jiménez G1, Zaragoza-Vera CV1, Santamaria-Mayo E1 y Torres-Chablé OM

Ponente: Oswaldo M. Torres Chable, mvzzaragoza@gmail.com

RESUMEN: Las infestaciones por ectoparásitos son un problema para la salud animal y publica, debido a la transmisión de diversos organismos patógenos. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la frecuencia de ectoparásitos en perros domésticos de la subregión Centro del estado de Tabasco. El estudio se realizó en esta subregión de julio a septiembre de 2021. Se realizó un muestreo por conveniencia y en los perros en los cuales se observaron ectoparásitos se colectó una muestra de estos directamente del cuerpo del animal (aproximadamente, 20 especímenes de cada perro en infestaciones abundantes). Los ectoparásitos colectados fueron identificados hasta especie mediante el uso de claves taxonómicas bajo microscopia estereoscópica. Se muestrearon un total de 297 perros, el 14.1% de estos presentaron infestaciones por ectoparásitos. *Rhipicephalus sanguineus* se encontró con una frecuencia de 78.5% (33) en los perros infestados, *Amblyomma maculatum* 38.1% (16), *Amblyomma mixtum* 2.38% (1), *Ctenocephalides felis* 14.2% (6), *Ctenocephalides canis* 2.38% y *Heterodoxus spiniger* 2.38% (1). El 36% (15) de los perros infestados presentaron co-infestaciones. El presente estudio otorga información relevante en relación a los ectoparásitos que infestan a perros de la subregión Centro del estado de Tabasco. Sin embargo, debe considerarse que estudios con enfoques biológicos, epidemiológicos y de control de vectores deberán ser implementados para impactar en la salud y bienestar de los perros domésticos de esta subregión.

CARTEL CIENTÍFICO

Sampling Methods for Disease-diversity Relationship Studies in South America

Quan Dong | Luis Escobar

Ponente: Quan Dong, quandong19@vt.edu

RESUMEN: Biodiversity-disease relationship theory states that fluctuations in biodiversity would reduce the prevalence of pathogens in wildlife. Measures of biodiversity, however, could be influenced by the methods and biodiversity in the study area. Disease-diversity relationship studies are particularly challenging in Megadiverse countries, with high levels of species saturation. The Order Chiroptera (bats) harbors the highest viral diversity among mammalian orders with documented presence of over 25 pathogen families and represents an important taxonomic group carrying high-risk zoonotic pathogens. Colombia hosts among the highest biodiversity of Chiroptera. Current Chiroptera surveying methods include mist-netting, harp traps, and roost site captures. These methods can have significant sampling biases from drastic variations in these animals' life histories. Acoustic surveying has emerged as an important supplementary tool to conduct more thorough evaluations of species diversity. Although neotropical Chiroptera echolocation libraries are relatively underdeveloped than North American libraries, acoustics remain necessary for accurately assessing biodiversity. This study aims to evaluate the criticality of acoustic surveying in neotropics Chiroptera for One Health studies aiming to untangle disease-diversity relationships patterns in Megadiverse countries. We compared mist-netting data against acoustic monitoring data across elevational and landscape gradients in the Andes mountains of Colombia. Mist nets and acoustics were deployed from June 22nd - July 8th, 2022 across sites selected for their elevation and general landscape characteristics. Mist net captures were identified in the field, while recorded echolocation sonograms were identified by the use of Kaleidoscope analysis software. Data revealed considerable differences between the species identified, which is expected to impact biodiversity metrics. We discuss major signals detected, strategies to improve biodiversity studies, and potential flaws of previous disease-biodiversity relationship studies. Results will help to refine the understanding of bat biodiversity to better predict the potential emergence and transmission of bat-borne pathogens in tropical Latin America.

Hantavirus spillover risk in Chile predicted by rodent-ectoparasite relationships

Reilly Brennan

Ponente: Reilly Brennan, reillybrennan@vt.edu

RESUMEN: Pathogen spillover corresponds to transmission of a pathogen or parasite from an original host species to a novel species. Pathogen spillover preludes zoonotic disease emergence. Hantavirus, a zoonotic agent endemic in Chile, has emerged as a public health threat with recent documentation of airborne transmission. Understanding the factors that lead to Hantavirus transmission in Chile could help identify novel hosts and patterns that lead to human disease emergence. We hypothesize that geographic, genetic, and ecological factors drive (i) host encounters, (ii) host susceptibility to parasites and pathogens, and, ultimately, (iii) interspecies-wildlife spillover transmission. Using a rodent-ectoparasite system in Chile, we assessed relationships between rodent species using the range, phylogenetic relatedness, and ectoparasites to determine the roles of generalist and specialist rodents in the transmission cycle of Hantavirus. Ectoparasite richness among hosts was used to estimate connections, as a proxy of dependency, among rodents in Chile. A total of 50 rodent species were ranked on their centrality in a network model based on ectoparasites sharing. Rodents closer in geographic range and genetic relatedness were more likely to share ectoparasite species. Independent data of seven known Hantavirus hosts were successfully predicted using host-ectoparasite relationships. Five novel rodent species were predicted by the model as potential, unrecognized, Hantavirus hosts in Chile. Findings suggest that ectoparasite data, geographic range, and phylogenetic relatedness of wildlife species could help predict novel hosts susceptible to infection and possible transmission of zoonotic pathogens. Predictions of novel host species can guide epidemiological surveillance of new areas and species to mitigate Hantavirus spillover risk from rodents to humans in Chile. This study supports the proposal that ectoparasite relationships between hosts are a powerful predictor for how host species interact, and thus can inform the transmission of other micro- or macro-parasites circulating in the host systems, including viruses with epidemic potential.

Principales alteraciones clinicopatológicas en mamíferos silvestres del sistema reservorio de *Trypanosoma cruzi*: Revisión de alcance

Ricardo Sánchez Pérez

Ponente: Ricardo Sánchez Pérez, ereesepe@comunidad.unam.mx

CARTEL CIENTÍFICO

RESUMEN: Existen más de 150 especies de mamíferos silvestres en el sistema reservorio de *Trypanosoma cruzi* y las investigaciones en torno a ellos, se han enfocado en su importancia para el mantenimiento y dispersión del parásito, mientras que las alteraciones clinicopatológicas consecuencia del proceso de infección han sido relegadas. El objetivo de la investigación fue recopilar la información disponible en torno a las alteraciones clinicopatológicas a causa de la infección natural por *T. cruzi* en mamíferos silvestres del sistema reservorio. La revisión se realizó bajo las directrices de la declaración PRISMA, en su extensión para revisiones de alcance (PRISMA-ScR). Los 314 resultados obtenidos con la estrategia de búsqueda, se sometieron a la remoción de duplicados, verificación de disponibilidad en texto completo, revisión de los criterios de inclusión y exclusión, para obtener un total de 29 publicaciones. Se contabilizaron 21 especies de mamíferos silvestres con registro de alteraciones clinicopatológicas a causa de la infección natural por *T. cruzi*, correspondiendo a ocho órdenes. El tlacuache (*Didelphis virginiana*) y el Macaco (*Macaca fascicularis*) fueron las especies que concentraron un mayor número de investigaciones (12% c/u). En los casos descritos, predominaron los organismos en condiciones in situ (55%), sobre aquellos en condiciones ex situ (45%). El corazón (41%) y los órganos del tracto gastrointestinal (20%), fueron las estructuras anatómicas más afectadas. A nivel clínico, la muerte súbita fue el hallazgo más frecuente (29%); mientras que, la organomegalia (40%) y la miocarditis (40%) junto a la presencia de amastigotes (26%), fueron los principales hallazgos a nivel macroscópico y microscópico, respectivamente. Esto demuestra que existen elementos para señalar que la infección por T. cruzi en mamíferos del sistema reservorio, genera efectos nocivos en su salud; situación que demanda la realización de estudios que permitan analizar, medir y comparar, tanto a nivel individual, como a nivel poblacional.

Detección molecular de Orthoflavivirus en aves silvestres de la Península de Yucatán, México

Santiago Bautista Erik Gustavo | Vigueras Galván Ana Laura | Hernández Villegas Erika Nayelli | Sarmiento Silva Rosa Elena | Suzán Gerardo

Ponente: Santiago Bautista Erik Gustavo, santiagobautistaerik.315@gmail.com

RESUMEN: Cada año los Orthoflavivirus infectan a más de 400 millones de personas a nivel mundial, son Arbovirus transmitidos por vectores, principalmente mosquitos del género *Aedes* y *Culex*, y algunas especies de aves son consideradas reservorios competentes, principalmente del Orden Passeriformes. La península de Yucatán alberga una alta riqueza de aves, por ello se necesitan más trabajos que demuestren la relevancia de realizar monitoreos de la circulación de Orthoflavivirus en esta región y en México. El objetivo principal de este estudio es identificar la presencia de Orthoflavivirus en aves silvestres de hábitats con diferentes usos de suelo en los estados de Quintana Roo y Yucatán, México. Se realizó el muestreo en seis localidades clasificadas en tres categorías de uso de suelo (Conservado, Diversificado y Urbano) distribuidas en Quintana Roo y Yucatán. Las aves fueron capturadas mediante redes de niebla, se registraron datos morfométricos, se identificó la especie usando guías taxonómicas y se colectó una muestra de hisopado cloacal a cada individuo capturado. Las muestras de aves consideradas como reservorios fueron analizadas usando una RT-PCR para la detección de un fragmento del gen NS5. Se registraron 259 aves, pertenecientes a 60 especies, de las cuales 16 son consideradas como reservorios de Orthoflavivirus, la especie más abundante fue *Turdus grayi*. Hasta el momento se han analizado 96 muestras de reservorios, de las cuales sólo de una muestra de la especie *Empidonax* sp del hábitat diversificado de Quintana Roo se obtuvo el tamaño molecular esperado que será confirmado mediante secuenciación Sanger. Los resultados preliminares dan indicios de la circulación de Orthoflavivirus en aves de Quintana Roo, es necesario continuar con los análisis de laboratorio para evaluar la relación entre el cambio de uso de suelo y la circulación de especies de Orthoflavivirus en la Península de Yucatán.

CARTEL CIENTÍFICO

Pasantía en manejo, diagnóstico y terapéutica de especies silvestres en el centro de rescate Toucan Rescue Ranch, San Isidro de Heredia, Costa Rica

Santiago García Dobles

Ponente: Santiago García Dobles, santiago.garcia.dobles@est.una.ac.cr

RESUMEN: Este informe de pasantía expone los datos recopilados en el Toucan Rescue Ranch ubicado en San Isidro de Heredia, Costa Rica. Dicha pasantía se realizó durante el periodo comprendido entre el 7 de diciembre de 2020 y el 16 de febrero de 2021, para un total de 320 horas, que se centró en tres tareas principales: recopilar diferentes amenazas a la vida silvestre local, argumentar la relación entre los enfoques diagnósticos con las decisiones terapéuticas y establecer datos de referencia sobre tratamientos farmacológicos. Durante dicha pasantía se participó en la toma de la historia y examen clínico de 62 animales (31 aves, 30 mamíferos y un marsupial), que fueron remitidos principalmente porque fueron encontrados al lado de la carretera. Se concluyó que la fragmentación del hábitat es una de las principales amenazas a las que se ve enfrentada la fauna, pues el desarrollo urbano en áreas rurales implica la construcción de carreteras, edificios e instalación de infraestructura eléctrica que desencadena eventos como atropellos y animales de vida libre electrocutados. Por otro lado, mediante la realización de 50 pruebas de flotación fecal, diez radiografías, nueve exámenes de laboratorio diagnóstico y ocho ultrasonidos, se pudieron establecer decisiones terapéuticas basadas en evidencia diagnóstica. Asimismo, mediante el registro de 33 tratamientos farmacológicos, se estableció información de referencia con respecto a los principios activos farmacológicos de uso común en la atención veterinaria de la vida silvestre, y se argumentaron los principales criterios para un tratamiento farmacológico responsable y adecuado.

Caracterización y análisis genómico de Klebsiella oxytoca multi-resistente produciendo infección en Pudu puda victima de los incendios de febrero 2023 en la zona centro sur de Chile.

Valentina Aravena | Jorge Nicolás Campos | Fredy Riquelme | Jorge Barraza | Monserrat del Campo | Matías Inostroza | Ignacio Ramírez | Jorge Hernandez | Paula Aravena | Danny Fuentes-Castillo

Ponente: Valentina Aravena, varavena2018@udec.cl

RESUMEN: Incendios forestales afectan gravemente la flora y fauna de los ecosistemas. Junto con ello llegan a los centros de rehabilitación de fauna silvestre (CRFS) pacientes con complejas lesiones, principalmente en su piel y vías respiratorias. En febrero del año 2023, tres regiones del centro-sur de Chile fueron azotadas por incendios que consumieron más de 7.000 hectáreas, dejando a un centenar de personas y animales sin hogar ni refugio. En este contexto, se realizó un estudio de las lesiones infectadas de los pacientes que ingresaron al CRFS de la Universidad de Concepción. Entre ellos se encontraba un pudú macho adulto que tenía exposición de tercera falange en sus cuatro extremidades debido a que las quemaduras desprendieran completamente sus pezuñas. El paciente presentaba fiebre y el hemograma arrojó una intensa leucocitosis con neutrofilia, mientras que las lesiones presentaban secreciones purulentas. Se tomaron torulados de las lesiones y se realizó cultivo microbiológico y antibiograma. Los aislados fueron identificados mediante pruebas bioquímicas (API 20E) y sometidos a secuenciamiento genómico completo mediante la plataforma Illumina NextSeq 2000. Los resultados evidenciaron una *Klebsiella oxytoca* resistente a doxiciclina, oxitetraciclina, cefazolina, enrofloxacino, sulfa + trimetoprim e intermediariamente resistente a ceftiofur y amoxicilina + ácido clavulánico. Análisis genómicos comprobaron que se trataba del linaje ST145 de *K. oxytoca*, portadora de los genes de resistencia Oxy-2-10, aadA1, aadA5, sul1, dfrA17, tet(B), mph(A) y catA1. Finalmente, debido a la avanzada gravedad de sus lesiones y la nula posibilidad de controlar la infección con las alternativas terapéuticas disponibles para esta especie, el paciente debió ser eutanasiado. Los pudúes se encuentran en estado de conservación vulnerable según la UICN, por lo que cada ejemplar es fundamental; sin embargo, este trabajo reporta una víctima más de los efectos antrópicos, sumado a la amenaza creciente de la RAM hacia la conservación de esta especie.

CARTEL CIENTÍFICO

CARTEL CIENTÍFICO

Estudo retrospectivo da análise dentária de *Nasua nasua* de vida livre que coabitam a região urbana de Belo Horizonte, MG, Brasil

VINICIUS HENRIQUE BARBOSA AMARAL | BRUNA HERMINE DE CAMPOS | NADJA SIMBERA HEMETRIO | DANIEL OLIVEIRA DOS SANTOS | GABRIELA SILVA MEDEIROS ASSUNÇÃO | CAIO DE CASTRO CUNHA FIGUEIREDO | JANAINA RIBEIRO DUARTE | Marcelo Pires Nogueira de Carvalho

Ponente: VINICIUS HENRIQUE BARBOSA AMARAL, vinicius.hb.amaral@gmail.com

RESUMEN: Algumas espécies de animais selvagens, devido a hábitos generalistas, adaptam-se com maior facilidade aos desafios impostos. Porém, essas adequações implicam diretamente em alterações comportamentais naturais, predispondo a doenças. Relatos em guaxinins (*Procyon lotor*) demonstraram que índices de doenças periodontais nestes animais presentes em parques urbanos, foi significativamente maior comparado a animais presentes em áreas preservadas. No Brasil, o quati (*Nasua nasua*) é uma espécie com sucesso na adaptação no meio urbano. Carnívoros, da família Procyonidae, como os guaxinins. O trabalho objetivou analisar a frequência de alterações na cavidade oral, na população de quatis de vida livre em parque urbano de Belo Horizonte. Realizou-se análise retrospectiva das fichas clínicas preenchidas nas capturas entre 2021 e 2022. A frequência das variáveis sexo, classe etária, mucosa oral, comprimento dentário, número de dentes, desgaste e coloração foram analisadas em 123 fichas clínicas. Dentre os animais estudados, 49 eram machos (28 jovens e 21 adultos) e 74 fêmeas (35 jovens e 39 adultos). Gengivite foi identificada na mucosa oral de 5.69% dos animais (7/123) e em 3.08% (4/123) apresentavam-se hipocoradas. Machos adultos apresentaram caninos superiores, em média 8.7 mm maiores que das fêmeas adultas e, 12.16 mm que machos jovens. A arcada dentária estava completa em 53.84% (62/117) dos adultos, e 40.83% (49/120) apresentavam dentes decíduos, destes 44% (22/50) apresentavam desgaste dentário. Dentre os animais adultos 75% (45/60) apresentavam desgaste dentário médio e alto e 80% (48/60) apresentavam dentes de coloração amarelada. Estudos envolvendo alterações dentárias na espécie são escassos, contudo, por ser a primeira porção do trato digestivo, sua funcionalidade adequada mantém processos sistêmicos, sendo intrínseca à sanidade do organismo em geral. As alterações dentárias e gengivais observadas são discretas e não justificam um impacto significativo na saúde desses animais.

Evaluando prioridades de conservación de los roedores de Chile, mediante una aproximación filogenética

Wendy C. Hernández-Mazariegos | Christian M. Ibáñez | Jennifer Catalán | R. Eduardo Palma

Ponente: Wendy C. Hernández-Mazariegos, wendychm7@hotmail.com

RESUMEN: El riesgo de extinción de las especies no se distribuye aleatoriamente entre los linajes evolutivos, sugiriendo que este patrón esté determinado porque las especies emparentadas comparten el mismo estado de riesgo de amenaza, debido a que sus rasgos y otros factores (i.e., distribución geográfica) que los hacen vulnerables, muestran una fuerte señal filogenética. En algunos mamíferos terrestres, como los roedores, se ha reportado que las especies emparentadas tienen un similar tamaño corporal y distribución geográfica, sugiriendo que este rasgo pueda influir en el riesgo de pérdida evolutiva. Por lo tanto, se podría hipotetizar que un patrón de riesgo de pérdida filogenética muy fuerte, es decir de un valor evolutivo asociado a la probabilidad de riesgo de extinción, dependa de rasgos biológicos y otros factores asociados al riesgo de pérdida de las especies. En este sentido, evaluamos si el riesgo de pérdida evolutiva se relaciona con el tamaño corporal y el rango de distribución geográfica de roedores de Chile. Se determinó el riesgo de pérdida evolutiva en un escenario futuro, y se evaluó la asociación entre este riesgo con el tamaño corporal y el rango de distribución de 58 especies de roedores, a través de regresión de mínimos cuadrados filogenéticos. Encontramos que las especies de alta y media probabilidad de extinción tendrán mayor riesgo de pérdida evolutiva; y una asociación negativa de este riesgo con el tamaño corporal de los roedores. Esto sugiere que ciertas especies con medio y alto grado de amenaza actual podrían estar en riesgo en escenarios venideros, y podrían no contribuir a la diversidad filogenética futura, probablemente debido a su pequeño tamaño corporal.

CARTEL CIENTÍFICO

Health monitoring of animals subject to illegal trafficking in the Maya Biosphere Reserve

Wendy K. Jo | Lincoln Carranza | Carlo Fischer | Andrés Moreira-Soto | Alejandro Morales | Jan Felix Drexler

Ponente: Wendy K. Jo, wendy.jo@charite.de

RESUMEN: The illegal wildlife trade, driven by demand for exotic pets, traditional medicine, and luxury goods, threatens biodiversity and ecosystems. This trade also poses significant risks to public health due to close interactions between humans, wildlife, and domestic animals in illicit markets, facilitating the spillover and transmission of zoonotic diseases. The Maya Biosphere Reserve in Northern Guatemala is not only a biodiversity hotspot but also a wildlife trafficking hotspot. The aim of this study is to determine the potential zoonotic pathogens circulating in wildlife in the Maya Biosphere Reserve. Samples were taken between 2016-2023 from live animals that are residing in Wildlife Rescue and Conservation Association (ARCAS), which were brought to the center as a result of confiscations by police or customs officials at roadblocks or in local markets, and due to road accidents. We collected plasma, nasal swabs, and rectal swabs samples from 251 individual animals, most of which are species protected by CITES, e.g., *Alouatta palliata*, *Alouatta pigra*, *Ateles geoffroyi*, and *Tamandua mexicana*. All samples are tested using broadly reactive RT-PCRs to detect the presence of major families of viruses, and next generation sequencing for metagenomic analyses. This study underscores the need for a One Health approach to combat wildlife trafficking and the associated threat of emerging pathogens.

¡MUCHAS GRACIAS!

14 AL 20 DE SEPTIEMBRE

VII Conferencia Bienal WDA Latinoamérica

BRASIL, 2025

ENFERMEDADES Y CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD EN EL ANTROPOCENO

WDA
Wildlife Disease Association
LATIN AMERICA

VII Conferencia Bienal WDA Latinoamérica

BRASIL, 2025

01/FEB	APERTURA DE INSCRIPCIONES PARA LA CONFERENCIA
03/FEB	INICIO DE LA PRESENTACIÓN DE RESÚMENES
06/FEB	APERTURA DE PROPUESTAS PARA ACTIVIDADES PRE-CONGRESO
31/MAR	FECHA LÍMITE PARA EL ENVÍO DE PROPUESTAS PRE-CONGRESO
13/ABR	CIERRE DE LA PRESENTACIÓN DE RESÚMENES
30/ABR	FINALES DE LAS PROPUESTAS PRE-CONGRESO
05/MAY	APERTURA DE INSCRIPCIONES PRE-CONGRESO

WDA
Wildlife Disease Association
LATIN AMERICA