

Libro de Resúmenes

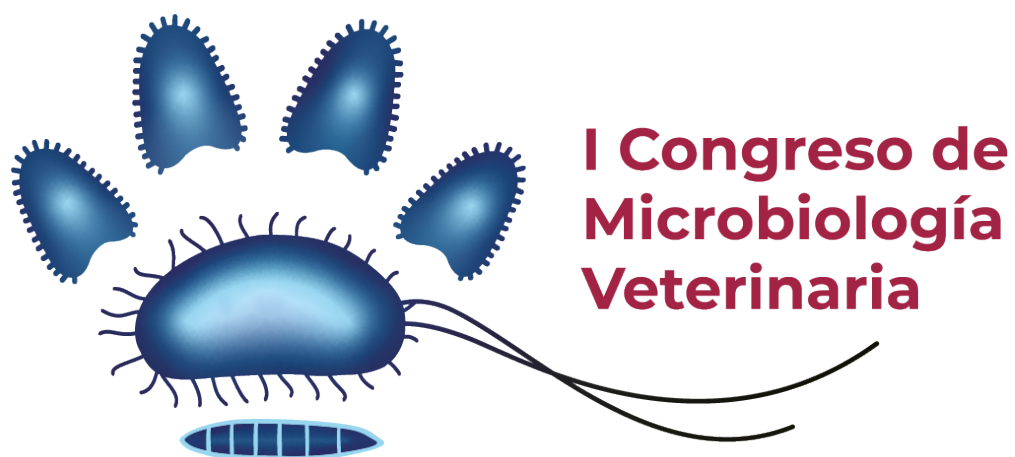


FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PLATA

2021

Libro de Resúmenes



Presente y futuro de la Microbiología Veterinaria en el marco de «Una Salud»

Modalidad virtual

4, 5 y 6 de agosto de 2021

Facultad de Ciencias Veterinarias

Universidad Nacional de La Plata

I Congreso de Microbiología Veterinaria : libro de resúmenes / Ramón

Nosedá... [et al.] ; compilación de María del Pilar Lilia Cagliada ; Cecilia Mónica Galosi. - 1a ed. - La Plata : Universidad Nacional de La Plata.

Facultad de Ciencias Veterinarias, 2021.

Libro digital, PDF

Archivo Digital: descarga y online

ISBN 978-950-34-2018-8

1. Microbiología. 2. Medicina Veterinaria. I. Nosedá, Ramón. II. Cagliada, María del Pilar Lilia, comp. III. Galosi, Cecilia Mónica, comp.

CDD 636.08907

Coordinación general de la edición: **María del Pilar Lilia Cagliada y Cecilia Mónica Galosi**

Edición, corrección y maquetación: **Analía Verónica Pinto**

Puesta en línea: **SEDICI**

Sitio web del congreso: <https://congresos.unlp.edu.ar/microvet/>

Licencia CC-BY-NC-SA



Autoridades

Presidenta

GABRIELA ISABEL GIACOBONI

Vicepresidenta

CECILIA MÓNICA GALOSI

Secretaría General

MIGUEL ÁNGEL AYALA

FABIANA ALICIA MOREDO

FRANCISCO JOSÉ REYNALDI

GUILLERMO HERNÁN SGUAZZA

Secretaría de Actas

MARÍA FERNANDA GÓMEZ

Tesorería/Finanzas

FABIANA ALICIA MOREDO

FUNDACIÓN DE LA FCV-UNLP

Comisión Científica

Secretaria

SUSANA BEATRIZ CÓRDOBA

Integrantes

MARÍA FIORELLA ALVARADO PINEDO

MARÍA ANDREA FIORENTINO

CRISTINA ESTHER MONTEAVARO

JAVIER ANÍBAL ORIGLIA

CARLOS JAVIER PANEI

CLAUDIO LUIS PIDONE

Comisión Técnica

Secretaria

CECILIA CARBONE

Integrantes

MARÍA DEL PILAR LILIA CAGLIADA

MARTÍN CARRIQUIRIBORDE

ROMINA DELLA VEDOVA

ELEATRICE MARÍA DE LAS MERCEDES GATTI

JAVIER ALEJANDRO MÁS

GERMÁN ERNESTO METZ

Colaboradores

VERÓNICA ANDREA AMOR

SANTIAGO EMANUEL COLINA

SOFÍA RODRÍGUEZ RAMOS

MARCO ANTONIO TIZZANO

Institución Patrocinante

CONICET



Consejo Nacional de Investigaciones
Científicas y Técnicas

Empresas Patrocinantes

BIOARTIS[®]

 IMMUNOLOGY
REACTIVOS PARA DIAGNÓSTICO E INVESTIGACIÓN

Auspiciantes



asociación
argentina de
microbiología

AACyTAL 



ASOCIACION
ARGENTINA DE
VETERINARIOS
DE LABORATORIOS
DE DIAGNOSTICO



Colegio de Veterinarios
de la provincia de Buenos Aires



Universidades



**UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO
DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES**

FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS



**FACULTAD DE
AGRONOMÍA Y ZOOTECNIA**
UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUCUMÁN

**Universidad
Nacional
Villa María**



**Instituto Académico
Pedagógico de Ciencias
Básicas y Aplicadas**





FACULTAD DE
CIENCIAS VETERINARIAS
UNR



Facultad de
Bromatología

Sede
Alto Valle y Valle
Medio



FACULTAD DE AGRONOMÍA
Y VETERINARIA

UNIVERSIDAD NACIONAL
DE RÍO CUARTO

Resoluciones

Resoluciones de auspicio de instituciones universitarias:

- UNIVERSIDAD NACIONAL DEL LITORAL, Facultad de Ciencias Veterinarias, Res. CD N° 599/2020
- UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES, Facultad de Ciencias Veterinarias, Res. CA N° 035/2020
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUCUMÁN, Facultad de Agronomía y Zootecnia, Res. Decano/2020
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE VILLA MARÍA, Instituto Académico Pedagógico de Ciencias Básicas y Aplicadas, Res. CD 143/2020
- UNIVERSIDAD NACIONAL DEL NORDESTE, Facultad de Ciencias Veterinarias, Res. CD N° 463/20
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO, Facultad de Ciencias Veterinarias, Res. CD N° 139/20
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE ENTRE RÍOS, Facultad de Bromatología, Res. Decano N° 009/21
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE RIO NEGRO, Sede Alto Valle - Valle Medio, Escuela de Veterinaria y Producción Agroindustrial. Disp. N° 527/21
- UNIVERSIDAD NACIONAL DE RIO CUARTO, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Res. CD N° 008/21

Índice

AUTORIDADES.....	5
INSTITUCIÓN PATROCINANTE	7
EMPRESAS PATROCINANTES	7
AUSPICIANTES.....	8
RESOLUCIONES	11
ÍNDICE.....	12
PRESENTACIÓN	29
PROGRAMA DEL EVENTO	33
RESÚMENES DE LAS DISERTACIONES	45
Luis Pasteur: un hombre que distinguió la esperanza biológica	46
OIE y los desafíos para la sanidad animal mundial	49
La importancia del diagnóstico confirmatorio en tuberculosis	51
Rol del laboratorio para el diagnóstico de las enfermedades en canaricultura y ornitología	54
Caso clínico de coccidioidomicosis en un canino de Catamarca.....	57
Disfagia faríngea por micosis de las bolsas guturales en un equino.	60
Salmonelosis multisistémica en lechones en recría I.....	63
Casos en medicina veterinaria de difícil diagnóstico en bovinos, resueltos a partir de la intervención del laboratorio de microbiología	66
Co-ocurrencia de β -lactamasas clínicamente relevantes y genes que codifican <i>mcr-1</i> en <i>Escherichia coli</i> en animales de compañía en Argentina	69
Mucorales: los voraces de la micología.....	72

Factores ecológicos y moleculares asociados a la emergencia de arbovirus.....	74
Arcobacterias.....	76
Ecología e interacción de roedores y orthohantavirus.....	79
<i>Sporothrix</i> , qué sabemos del agente causal de una saproozoonosis en expansión.....	82
Tuberculosis: nuevas herramientas para resolver un viejo problema	85
Rol de los animales silvestres como reservorios de virus patógenos	88
¿Qué debemos saber sobre los animales silvestres vectores y reservorios de bacterias patógenas?	91
Importancia de los animales silvestres en la diseminación de las micosis.....	93
Control de la salud en el pez cebra (<i>Danio rerio</i>) utilizado en investigación.....	96
Nuevos desafíos en los programas de control sanitario de ratones...	98
Experimentación animal para la evaluación de colonización y patogenicidad de <i>Salmonella</i> : modelo animal porcino e invertebrado	100
Detección y caracterización molecular de SARS-CoV-2 en animales	102
Fauna silvestre como reservorios de coronavirus y su rol epidemiológico	105
Resistencia a los antimicrobianos en medicina veterinaria.....	107
¿Qué hacemos los veterinarios como protagonistas de la resistencia a los antimicrobianos? Legislación	110
Normas de prescripción y venta de zooterápicos.....	112
Caracterización molecular del virus de la rabia.....	115

Sus aplicaciones al diagnóstico y vigilancia epidemiológica en Argentina	115
Situación epidemiológica de rabia en Argentina.....	117
Nuevas opciones terapéuticas para el tratamiento de las virosis sistémicas	119
Antibióticos vs. bacterias en veterinaria	121
Utilidad de los nuevos antifúngicos para el control de micosis	124
Manejo y custodia de virus patógenos.....	127
Importancia de la bioseguridad y la biocustodia en Bacteriología ...	130
Implementación de medidas de bioseguridad y biocustodia en el laboratorio de micología	133
Resistencia a los antimicrobianos en ambiente y fauna silvestre	135
Leptospirosis, metodologías diagnósticas.....	137
Leptospirosis bovina como zoonosis: importancia de la vacunación del ganado	140
Epidemiología de la leptospirosis canina	143
Identificación de hongos por MALDI-TOF MS.....	146
Utilidad del MALDI-TOF para la rápida identificación de bacterias...	149
<i>Real time-PCR</i> , una herramienta útil para detectar copias del virus de la leucosis bovina.....	152
<i>Staphylococcus</i> resistentes a la meticilina en el marco de «Una Salud»: un viejo conocido en medicina humana vigente en la medicina veterinaria	155
Vigilancia genómica de la resistencia bacteriana en «Una Salud»: Perspectivas y desafíos para Latino América.....	158
Control de resistencia bacteriana a los antimicrobianos en pequeños animales en Chile: Esfuerzos integrados bajo el concepto «Una Salud»	160

Situación de la resistencia a los antimicrobianos: ¿De dónde venimos? ¿dónde estamos? y ¿hacia dónde vamos?.....	162
Características y diagnóstico de <i>Brachyspira</i> spp.....	164
Diagnóstico de enfermedades clostridiales de los animales.....	167
Diagnóstico y vacunas de clostridios: pasado y presente	169
Aportes de la genómica en medicina veterinaria	172
RESÚMENES DE LOS TRABAJOS PRESENTADOS	174
EJE BACTERIOLOGÍA	175
BAC 001	
Tuberculosis por <i>Mycobacterium bovis</i> en un felino doméstico del partido de San Martín, Buenos Aires, Argentina.....	176
BAC 002	
Serovares de <i>Leptospira</i> detectados serológicamente en animales de producción pecuaria de la zona sur de la provincia de Santa Fe, Argentina	178
BAC 003	
Seroprevalencia de <i>Chlamydia abortus</i> en majadas ovinas de la provincia de Buenos Aires.....	180
BAC 004	
Influencia del probiótico <i>Pediococcus pentosaceus</i> usado en reemplazo de antibióticos promotores del crecimiento sobre la calidad de carne, parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos.....	182
BAC 005	
Modelado matemático del desarrollo bacteriano de carnes bovinas tratadas con luz UV-C, aditivos naturales y temperaturas de refrigeración.....	184

BAC 006

Aislamientos en leche de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* provenientes de bovinos seropositivos al test de ELISA186

BAC 007

Estudio comparativo de la susceptibilidad al estrés ácido, oxidativo y sobrelvida en macrófagos en aislamientos de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*188

BAC 008

Salmonella enterica in South American sea lions (*Otaria byronia*) from the north coast of San Matías Gulf (Patagonia, Argentina)190

BAC 009

Aislamiento de cepas de *Bacillus* spp. inhibitorias de patógenos bacterianos causantes de mastitis bovina.....192

BAC 010

Capacidad de invasión y producción de biofilm de diferentes géneros bacterianos aislados de mastitis bovina.....194

BAC 011

Evaluación de cepas de *Escherichia coli* productora de toxina shiga y *Escherichia coli* enteropatógena sometidas a condiciones de estrés en arena196

BAC 012

Hallazgo de *Leptospira borgpetersenii* en ciervo de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*)198

BAC 013

Meta-análisis de infección con *Leptospira* en gatos domésticos..... 200

BAC 014

Evaluación por ELISA en leche para la detección de anticuerpos frente a *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*.....202

BAC 015

Diagnóstico molecular en ratas portadoras de *Corynebacterium kutscheri* a través de hisopados orofaríngeos..... 204

BAC 016

Primera detección de *Rickettsia asembonensis* en *Ctenocephalides felis felis* en Argentina206

BAC 017

Levaduras aisladas de kéfir de agua: potencial probiótico y su efecto sobre *Paenibacillus larvae*208

BAC 018

Efecto de probióticos en cachorros caninos con gastroenteritis210

BAC 019

Bacteriological resolve of pyoderma associated with canine demodicosis without antibiotic/antiseptic therapy 212

BAC 020

Caracterización molecular de aislamientos de *Brucella canis* en la provincia de Buenos Aires..... 215

BAC 021

Descripción de un caso de paratuberculosis caprina juvenil en Argentina 217

BAC 022

Transmisión de *Anaplasma marginale* por la garrapata *Amblyomma tonelliae* 220

BAC 023

Aislamiento de micobacterias atípicas en cerdos reaccionantes a la prueba de tuberculina, reporte de un caso..... 222

BAC 024

Campylobacter termotolerantes en aves silvestres de establecimientos lecheros y avícolas de la zona centro santafesina 225

BAC 025

Determinación de la relación clonal entre salmonelas aisladas de granjas con tifosis aviar y salmonelas provenientes de pacientes humanos mediante PFGE..... 227

BAC 026

Pleomorphic colonies of *Clostridium perfringens* isolated from intestinal content from healthy goats 229

BAC 027

Caracterización de *Trueperella pyogenes* por métodos fenotípicos convencionales y por espectrometría de masas (MALDI-TOF)..... 232

BAC 028

Prevalencia de agentes bacterianos involucrados en casos de neumonías en *feedlot* 234

BAC 029

Aislamiento de *Brucella abortus* en felinos domésticos en la República Argentina 237

BAC 030

Caracterización de *Escherichia coli* shigatoxigénica asociada a colitis hemorrágica en un ternero neonato..... 239

BAC 031

Diagnóstico de brucelosis en *Zaedyus pichiy* mediante técnicas serológicas convencionales..... 241

BAC 032

Primer hallazgo de *Rickettsia* sp. en ciervos de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*) en Corrientes, Argentina243

BAC 033

Efecto inhibitorio *in vitro* de bacterias lácticas aisladas de intestinos de *Scaptotrigona jujuyensis* sobre *Paenibacillus larvae*245

BAC 034

Determinación y tipificación de bacterias asociadas al hígado y riñón de *Gymnotus carapo* en ambientes naturales.....247

BAC 035

Efecto de la inactivación de los genes de las islas de patogenicidad 1 y 2 de *Salmonella* Typhimurium (SPI-1 y SPI-2) en la generación de lesiones histológicas en órganos de pollos de un día de edad249

BAC 036

Efecto de la ozonoterapia en comparación al tratamiento tradicional en otitis externa infecciosa canina 251

BAC 037

Presencia de *Moraxella bovoculi* y *Moraxella bovis* en rodeos bovinos lecheros con antecedentes de brote de queratoconjuntivitis infecciosa bovina 253

EJE RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS 255

RA 001

Detección de enzimas 16S ARN metiltransferasas en enterobacterales resistentes a ceftriaxona, aislados de pollitos de un día256

RA 002

Escherichia coli multirresistentes portadores del gen *bla*_{CTX-M} aislados de pollos frescos de pollerías de la ciudad de La Plata.....258

RA 003

Perfil fenotípico de resistencia a los antimicrobianos en pinzones terrestres de tres zonas de la isla Santa Cruz en Galápagos.....261

RA 004

Staphylococcus aureus resistentes a la meticilina en cerdos posdestete.....264

RA 005

Perfil de sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Campylobacter fetus* de origen reproductivo.....266

RA 006

Frecuencia de aislamiento de patógenos bacterianos a partir de muestras de orina de perros y su sensibilidad a la enrofloxacin.....268

RA 007

Sensibilidad antimicrobiana *in vitro* de *Staphylococcus spp.* causante de infecciones agudas respiratorias en pequeñas especies.....270

RA 008

Primer aislamiento de *Enterobacter cloacae* productor de Nueva Delhi Metalobetalactamasa (NDM) en un felino de Argentina273

RA 009

High rates of multidrug-resistance in *Enterococcus spp.* isolated from dogs and cats in Lima, Perú275

RA 010

Frequency of multidrug, extensively drug and pandrug-resistant bacteria isolated from external otitis and dermatitis in dogs.....277

RA 011

Sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Salmonella* serovar Enteritidis y *Salmonella* serovar Typhimurium aisladas de granjas avícolas de la provincia de Entre Ríos279

RA 012

Caracterización de los mecanismos de resistencia a oximino-cefalosporinas en aislamientos de *Escherichia coli* procedentes de hisopados rectales caninos en Uruguay.....281

RA 013

Perfil de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus pseudintermedius* resistentes a meticilina, aislados de dermatitis canina.....283

RA 014

Determinación de resistencia antimicrobiana en *Staphylococcus pseudintermedius* aislados de muestras clínicas de caninos285

RA 015

Mastitis subclínica en ovejas y sensibilidad antibiótica de los agentes etiológicos aislados287

RA 016

Antimicrobial resistance in marine mammals of the Uruguayan coast289

Preliminary results.....289

RA 017

Evaluación de la eficiencia *in vitro* de extractos vegetales polifenoles sobre el crecimiento de *Salmonella enteritidis*, *Salmonella typhimurium*, *S. gallinarum* y *Escherichia coli* aisladas de aves.....291

EJE MICOLOGÍA.....294

MIC 001

Aplicación de Calcofluor white y densitometría para el estudio de la pared celular de levaduras biodetoxificantes.....295

MIC 002

Uso de los probióticos *Saccharomyces boulardii* RC009 y *Pediococcus pentosaceus* RC007 como alternativas a los antibióticos promotores del crecimiento y su influencia sobre parámetros productivos en cerdos de recría.....297

MIC 003

Efecto del probiótico *Saccharomyces boulardii* sobre los parámetros de digestibilidad, bioquímicos y calidad de heces en caninos.....299

MIC 004

Aislamiento de *Aspergillus fumigatus* y *Aspergillus alabamensis* en pajuelas de semen bovino criopreservado301

MIC 005

Monascus argentinensis aislado de *Scaptotrigona jujuyensis* de la provincia de Jujuy, Argentina inhibe el desarrollo de *Ascosphaera apis* y *Aspergillus flavus*..... 304

MIC 006

Primer reporte de feohifomicosis producida por *Phialophora americana* en un gato doméstico306

MIC 007

Detección del antígeno de galactomanano de *Aspergillus* como método de seguimiento terapéutico en la aspergilosis nasal canina: a propósito de un caso.....308

MIC 008

Efecto de *Saccharomyces boulardii* usado en reemplazo de antibióticos promotores del crecimiento sobre la calidad de carne, parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos.....310

EJE VIROLOGÍA.....312

VIR 001

Relevamiento de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en muestras de leche de tanque provenientes de la provincia de Santa Fe 313

VIR 002

Comparison of proviral load levels and mRNA expression of cytokines in peripheral blood mononuclear cells and milk somatic cells from BLV-infected cattle..... 315

VIR 003

Detección del virus de la necrosis renal y del bazo (ISKNV) del pez cebra en colonias de experimentación de Argentina 317

VIR 004

Diagnóstico clínico, molecular y serológico del virus de la leucemia en ratas Wistar..... 319

VIR 005

Determinación de la respuesta inmune humoral a campo frente a la vacunación contra rinotraqueítis infecciosa bovina en vaquillonas infectadas con el virus de la leucosis bovina 321

VIR 006

Analysis of apoptosis induced by bovine gammaherpesvirus 4 in primary culture of bovine endometrial cells 323

VIR 007

Cultivos celulares primarios de células de pejerrey (*Odontesthes bonariensis*) para su uso como sustratos en el estudio de virus de interés ictícola..... 325

VIR 008

Mucosal disease outbreak and possible sources of bovine viral diarrhea virus in herds from a beef farm of Buenos Aires province. 327

VIR 009

Producción de antígenos recombinantes a partir de proteínas inmunogénicas de Alfaherpesvirus felino 1 para el desarrollo de un test de diagnóstico 329

VIR 010

Scapteromys aquaticus: nueva especie de roedor hospedadora de *Orthohantavirus* en la región central de Argentina 331

VIR 011

Primer análisis de la secuencia completa del gen VP2 de una cepa local de parvovirus porcino..... 334

VIR 012

Primer reporte de SARS-CoV-2 detectado en un gato de Argentina 336

VIR 013

Descripción de la situación de los principales retrovirus felinos en la ciudad de Montevideo y zona metropolitana..... 338

VIR 014

Efecto de la ozonoterapia en el *Protoparvovirus carnívoro tipo 1*.... 340

EJE DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO..... 342

DIAG 001

Identificación de agentes patógenos causantes de mastitis bovina proveniente de diferentes provincias de Argentina..... 343

DIAG 002

Aguará guazú y leptospirosis 346

DIAG 003

Tuberculosis en gatos domésticos de la provincia de Santa Fe, Argentina348

DIAG 004

Coinfección por *Brachyspira pilosicoli* y *Lawsonia intracellularis* en cerdos de desarrollo con diarrea severa350

DIAG 005

Mastitis and death of a Corriedale ewe associated with *Mycoplasma* spp. infection in Buenos Aires province..... 353

DIAG 006

Septicemia en terneros de tambo causada por *Escherichia coli* multirresistente productora de toxina Shiga 355

DIAG 007

Importancia del estudio integral y la implementación de diferentes métodos diagnósticos en la confirmación de la leptospirosis bovina358

DIAG 008

Puesta a punto de una PCR digital (*Droplet Digital* PCR) para diagnóstico y cuantificación de *Staphylococcus aureus* productor de mastitis en Uruguay361

DIAG 009

Diagnóstico de *Brucella canis* en aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*) 363

DIAG 010

Diagnóstico de agentes etiológicos causantes de aborto en un rodeo de vaquillonas Holando de un campo de recría en Uruguay 365

DIAG 011

Análisis microbiológico de muestras de mieles en cinco departamentos del sur de la provincia de Santa Fe.....367

DIAG 012

Brote de mastitis por *Prototheca* spp. y estudio ambiental del agente369

DIAG 013

Aislamiento de *Campylobacter fetus* en un rodeo de cría con mermas tacto-parición de la provincia Corrientes (Argentina).....371

DIAG 014

La importancia del análisis microbiológico de agua en la vida universitaria.....373

DIAG 015

Expresión de la proteína de la cápside del virus de la artritis encefalitis caprina en *Pichia pastoris* para su uso como antígeno diagnóstico376

DIAG 016

Reporte de brote de clamidiosis aviar en un criadero comercial de psitácidos de la provincia de Buenos Aires378

DIAG 017

Calidad microbiológica del agua abastecida para la producción bovina en el Centro Universitario Agropecuario Casilda.....380

DIAG 018

Aborto por *Aspergillus* spp. en un rodeo de cría de Tandil382

DIAG 019

Variables de incertidumbre en la práctica diagnóstica384

DIAG 020

Prueba PCR multiplex para el diagnóstico de la brucelosis canina .386

DIAG 021

Evaluación de desempeño de una prueba serológica de enzimo-inmunoensayo de competición en cabras vacunadas con *Brucella melitensis* Rev-1 en Empedrado, Corrientes.....388

DIAG 022

Anaplasmosis bovina en un engorde a corral del sur de la provincia de Córdoba390

DIAG 023

Detección de *Mycobacterium bovis* en leche caprina por la reacción en cadena de la polimerasa: evaluación de dos secuencias blanco 392

DIAG 024

Detección de anticuerpos anti-CS31A de *Escherichia coli* en calostro de vacas lecheras en dos establecimientos de Uruguay con y sin vacunación.....394

DIAG 025

Reporte de coinfección por *Enterobacter cloacae* y alfaherpesvirus bovino tipo 1 como causa de muerte perinatal en un rodeo de cría396

DIAG 026

Infiltración granulomatosa difusa del sistema digestivo compatible con infección por *Mycobacterium* spp. en Schnauzer miniatura399

DIAG 027

Casos de brucelosis canina presentados en la provincia de Pichincha, Ecuador 402

NÓMINA DE AUTORES 405

Presentación

La Microbiología estudia el desarrollo de los microorganismos y las alteraciones que estos provocan en las personas, animales, vegetales y en la naturaleza inanimada. Estos conocimientos se traducen en la comprensión de muchas de las condiciones que rigen la vida.

La Microbiología en veterinaria nace en el siglo XVI; sin embargo, los trabajos posteriores de Louis Pasteur, constituyeron los primeros grandes aportes a esta ciencia.

El estudio de la Microbiología aporta la información necesaria para el conocimiento de la etiología de todas las enfermedades infecciosas. Además, sienta las bases de la medicina preventiva, lo que constituye el principal objetivo de la medicina veterinaria, es decir, proteger la salud de los animales y la salud pública.

La realización del **I Congreso de Microbiología Veterinaria** surgió ante la inquietud de abordar temas específicos de Microbiología en un ámbito en el cual los médicos veterinarios que ejercen diferentes actividades, tuvieran la posibilidad de actualizarse, intercambiar y debatir sobre esta rama de la ciencia, tan importante en el ejercicio de la profesión.

El **I Congreso de Microbiología Veterinaria** es una reunión científica nacional e internacional, que se llevará a cabo por primera vez en nuestro país. Esto se debe a que la Microbiología Veterinaria es una disciplina que, a lo largo de los años, se ha incluido en otras reuniones científicas, pero bajo la orientación propia del evento desarrollado. Por lo general, el profesional veterinario no encuentra la información completa para su profesión o está pobremente

representada. A modo de ejemplo, en diferentes eventos se tratan en forma individual el aspecto patogénico del agente infeccioso, la respuesta inmune, el diagnóstico y los mecanismos de control y prevención, entre otras cosas.

Debido a la emergencia sanitaria global por la COVID-19, en 2020 nos vimos en la tarea de reformular el congreso inicialmente pensado en formato presencial. Es así que lo reorganizamos en formato virtual en sintonía con el desarrollo de las actividades académicas y de difusión del conocimiento. La posibilidad de realizar el congreso en formato virtual fue un desafío, y para su logro contamos con el compromiso de los disertantes y con el apoyo incondicional de las autoridades de la Facultad de Ciencias Veterinarias y de la Universidad Nacional de La Plata, a través de todos los recursos humanos y técnicos que nos brindaron para cada una de las actividades que se realizaron en la organización y desarrollo el evento.

En esta reunión científica se abordarán diferentes problemáticas de la medicina veterinaria, cuyos protagonistas principales serán los microorganismos y su interacción con los animales. Además, a través de las actividades programadas, se difundirán las investigaciones, los últimos avances científicos y tecnológicos en el área, de una manera multidisciplinaria y federal.

El **I Congreso de Microbiología Veterinaria** se organizó en sesiones que incluyen conferencias, mesas redondas y simposios en los que se abordarán cinco ejes temáticos: **Bacteriología**, **Virología**, **Micología**, **Diagnóstico Microbiológico** y **Resistencia a los Antimicrobianos**. Al finalizar las exposiciones orales de los disertantes, se dispondrá de un espacio para preguntas y discusión, organizado por los coordinadores de cada actividad.

Los asistentes han tenido la posibilidad de presentar sus trabajos de investigación y exponer los pósteres en el portal del congreso.

Para cada eje temático, existió la posibilidad de postular los trabajos para ser evaluados con opción a premio.

Se alentó la participación de estudiantes y profesionales argentinos recientemente egresados, mediante el otorgamiento de becas.

Destacamos la participación de autoridades sanitarias (Ministerio de Salud de Argentina), de organismos de control como el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agropecuaria (SENASA) y del Colegio de Veterinarios de la provincia de Buenos Aires, que dejarán su impronta en la visión de algunos temas a tratar.

Con el desarrollo de este **I Congreso de Microbiología Veterinaria** los asistentes accederán a información actualizada en áreas temáticas de importancia para el desarrollo de la actividad profesional. Recibirán la información de una manera integral, priorizando los aspectos más importantes de los diferentes agentes microbianos.

Sintéticamente, se desarrollarán los siguientes temas: Patógenos emergentes, Zoonosis, Resistencia antimicrobiana en ambiente, animales y fauna silvestre, Nuevas herramientas para el diagnóstico microbiológico, Caracterización y situación epidemiológica del virus rábico, SARS.CoV-2, Leptospiras, Anaerobios, Aporte de la genómica en medicina veterinaria, Bioseguridad y Biocustodia, entre otros.

En este congreso participarán científicos, profesionales veterinarios y de la salud, docentes y estudiantes, garantizando la pluralidad de conocimientos, experiencias y opiniones.

Esperamos cumplir con las expectativas de los asistentes, y confiamos en que recibirán una variada gama de información actualizada y calificada, sustentada en la experiencia y conocimientos del panel de disertantes.

El epígrafe «Presente y futuro de la Microbiología en Medicina Veterinaria en el marco de Una Salud» determinó los enfoques considerados.

Programa del evento

4 de agosto

CONFERENCIAS PLENARIAS DE APERTURA

Sala Completa (Sala A) 9:00 h

Presentadora

GABRIELA ISABEL GIACOBONI

Disertantes

RAMÓN NOSEDA

Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria

Luis Pasteur, un hombre que distinguió la esperanza biológica

LUIS FERNANDO BARCOS

Representante Regional de la OIE para las Américas

OIE y los desafíos para la sanidad animal mundial

MESA REDONDA

Sala A 10:30 h

Coordinadores

ALICIA DEL AMO

LUCIANO CASAS

Tema

CASOS EN MEDICINA VETERINARIA DE DIFÍCIL DIAGNÓSTICO Y RESUELTOS A PARTIR DE LA INTERVENCIÓN DEL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA. PEQUEÑOS ANIMALES

Disertantes

MARCELA MARTÍNEZ VIVOT

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias

La importancia del diagnóstico confirmatorio en tuberculosis

SERGIO SAMUS

Laboratorio de Diagnóstico y Prevención Veterinario (LADIPREVET)

Rol del laboratorio para el diagnóstico de las enfermedades en canaricultura y ornitología

MARIANA VIALE

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Departamento de Micología

Caso clínico de coccidioidomicosis en un canino de Catamarca

MESA REDONDA

Sala B 10:30 h

Coordinadores

MARÍA ANDREA FIORENTINO

RAMÓN LÓPEZ

Tema

CASOS EN MEDICINA VETERINARIA DE DIFÍCIL DIAGNÓSTICO Y RESUELTOS A PARTIR DE LA INTERVENCIÓN DEL LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA. GRANDES ANIMALES

Disertantes

MARTA INÉS MONINA

Universidad Nacional de La Pampa, Facultad de Ciencias Veterinarias

Actividad privada

Disfagia faríngea por micosis de las bolsas guturales en un equino

GUSTAVO CARLOS ZIELINSKI

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Marcos Juárez

Salmonelosis multisistémica en lechones en recría I

GABRIEL TRAVERÍA

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias

Casos en medicina veterinaria de difícil diagnóstico en bovinos y resueltos a partir de la intervención del Laboratorio de Microbiología

MINI CONFERENCIA

Sala Completa (Sala A) 12:30 h

Presentador

JAVIER MAS

Disertante

MARÍA VALERIA RUMI

Microbiología, Centro de Estudios Transdisciplinarios de Epidemiología, Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires

Co-ocurrencia de β -lactamasas clínicamente relevantes y genes que codifican MCR-1 en Escherichia coli en animales de compañía en Argentina

SIMPOSIO

Sala A 14:00 h

Coordinadores

CLAUDIO LUIS PIDONE

FRANCISCO JOSÉ REYNALDI

Tema

PATÓGENOS EMERGENTES

Disertantes

RUBÉN ANTONIO ABRANTES

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Departamento de Micología

Mucorales, los voraces de la Micología

LUIS ADRIÁN DÍAZ

Universidad Nacional de Córdoba, Facultad de Ciencias Médicas, Laboratorio de Arbovirus CONICET

Factores ecológicos y moleculares asociados a la emergencia de Arbovirus

HERIBERTO FERNÁNDEZ JARAMILLO

Universidad Austral de Chile. Universidad San Sebastián

Arcobacterias

SIMPOSIO

Sala B 14:00 h

Coordinadores

SERGIO GARBACCIO

CRISTINA MONTEAVARO

Tema

ZOONOSIS

Disertantes

ISABEL GÓMEZ VILLAFañE

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales,
Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEB-CONICET)

ELIANA FLORENCIA BURGOS

Instituto Nacional de Medicina Tropical

Ecología e interacción de roedores y orthohantavirus

ISABELLA DIP FERREIRA GREMIAO

Fundación Oswaldo Cruz (Brasil)

Sporothrix, que sabemos del agente causal de una saproozoonosis
en expansión

MARTÍN ZUMÁRRAGA

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Instituto de Agrobiotecnología
y Biología Molecular

Tuberculosis, nuevas herramientas para resolver un viejo
problema

MESA REDONDA

Sala A 17:00 h

Coordinadores

MARCELA OROZCO

JAVIER ANÍBAL ORIGLIA

Tema

LA MICROBIOLOGÍA EN LOS ANIMALES DE FAUNA SILVESTRE

Disertantes

MARÍA SOLEDAD SERENA

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias,
Laboratorio de Virología (LAVIR) CONICET

Rol de los animales silvestres como reservorios de virus patógenos

PABLO PLAZA

Universidad Nacional del Comahue, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente (INBIOMA) CONICET

¿Qué debemos saber sobre los animales silvestres vectores y reservorios de bacterias patógenas?

ROBERTO SUAREZ ÁLVAREZ

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Departamento de Micología

Importancia de los animales silvestres en la diseminación de las micosis

MESA REDONDA

Sala B 17:00 h

Coordinadores

CECILIA CARBONE

MARTÍN CARRIQUIRIBORDE

Tema

LA MICROBIOLOGÍA EN LOS ANIMALES DE EXPERIMENTACIÓN

Disertantes

JUAN MARTÍN LABORDE

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias, Laboratorio de Animales de Experimentación (LAE)

Control sanitario en peces cebras utilizados en investigación científica

DANIELE M. RODRIGUES-DEMOLIN

Universidad de Campinas, Brasil. Centro Multidisciplinar para la Investigación Biológica en el Área de Animales de Laboratorio (CEMIB)

Nuevos desafíos en los programas de control sanitario de ratones

MARÍA BELÉN CEVALLOS ALMEIDA

Universidad Central del Ecuador, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Experimentación animal para la evaluación de colonización y patogenicidad de Salmonella: modelo animal porcino e invertebrado

5 de agosto

SIMPOSIO

Sala A 9:00 h

Coordinadores

JAVIER PANEI

MARCELO RICARDO ÍTALO PECORARO

Tema

CORONAVIRUS: ¿CUÁL ES EL ROL DE LOS ANIMALES EN LA CADENA DE TRANSMISIÓN?

Disertantes

NADIA ANALÍA FUENTEALBA

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias, Laboratorio de Virología (LAVIR) CONICET

Detección y caracterización molecular del SARS-CoV-2 en animales

ANA CRISTINA BRATANICH

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Virología Animal

Fauna silvestre como reservorio de coronavirus y su rol epidemiológico

SIMPOSIO

Sala B 9:00 h

Coordinadores

SERGIO SÁNCHEZ BRUNI

MARÍA ANDREA FIORENTINO

Tema

RESISTENCIA MICROBIANA

Disertantes

JORGE ERRECALDE

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria

Estado actual de resistencia antimicrobiana en medicina veterinaria

LISANDRO RUIZ

Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA)

¿Qué hacemos los veterinarios como protagonistas de la resistencia antimicrobiana? Legislación

OSVALDO RINALDI

Colegio de Veterinarios de la Provincia de Buenos Aires (CVPBA)

Normas de prescripción y venta de zooterápicos

MINI CONFERENCIAS

Sala Completa (Sala A) 12:00 h

Presentadores

CECILIA MÓNICA GALOSI

GUILLERMO HERNÁN SGUAZZA

Tema

RABIA

Disertantes

DANIEL MARCELO CISTERNA

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán»

Caracterización molecular del virus de la rabia. Sus aplicaciones al diagnóstico y vigilancia epidemiológica en Argentina

NATALIA CASAS

Ministerio de Salud de la Nación, Dirección de Zoonosis

Situación epidemiológica de rabia en Argentina. Vigilancia y control

MESA REDONDA

Sala A 15:00 h

Coordinadores

SUSANA CÓRDOBA

JAVIER MAS

Tema

MANEJO TERAPÉUTICO DE LAS INFECCIONES EN PEQUEÑOS ANIMALES

Disertantes

MARÍA AMELIA GISBERT

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias

Nuevas opciones terapéuticas para el tratamiento de las virosis sistémicas

GABRIELA ALBARELLOS

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias

Antibióticos vs. bacterias en veterinaria

MIGUEL SCARPA

Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias

Utilidad de los nuevos antifúngicos para el control de micosis

MESA REDONDA

Sala B 15:00 h

Coordinadoras

ALEJANDRA HEVIA

ANDREA MOTTER

Tema

BIOSEGURIDAD Y BIOCUSTODIA

Disertantes

LAURA RIERA

Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas (INEVH)

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán»

Manejo y custodia de virus patógenos

LEONORA NUSBLAT

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Unidad Operativa Centro de Contención Biológica

Importancia de la bioseguridad y la biocustodia en Bacteriología

BELÉN IBARRA CAMOU

Instituto Nacional de Epidemiología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán»

Universidad Nacional de Mar del Plata, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Implementación de medidas de bioseguridad y biocustodia en el laboratorio de Micología

CONFERENCIA

Sala Completa (Sala A) 17:30 h

Presentadora

GABRIELA GIACOBONI

Disertante

CARMEN TORRES

Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad de La Rioja (España)

Resistencia a los antimicrobianos en ambiente y fauna silvestre.
Mecanismos de resistencia y líneas genéticas emergentes e implicancias en salud humana

6 de agosto

MESA REDONDA

Sala A 9:00 h

Coordinadores

IORELLA ALVARADO PINEDO

GABRIEL TRAVERÍA

Tema

LEPTOSPIRAS

Disertantes

BIBIANA BRIHUEGA

Instituto de Patobiología (IPVET)

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)

Leptospirosis, metodologías diagnósticas. Rol de los animales silvestres

ARIEL KOVAL

Biogenesis Bagó

Leptospirosis bovina como zoonosis: importancia de la vacunación del ganado

EXEQUIEL ALEJANDRO SCIALFA

Ministerio de Salud de la provincia de Buenos Aires, División Zoonosis Rurales

Epidemiología de la leptospirosis canina

SIMPOSIO

Sala B 9:00 h

Coordinadores

GUILLERMO SGUAZZA

MARCO TIZZANO

Tema

NUEVAS HERRAMIENTAS APLICABLES AL DIAGNÓSTICO MICROBIOLÓGICO

Disertantes

CONSTANZA TAVERNA

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Departamento de Micología

Identificación de hongos por MALDI-TOF MS

MÓNICA PRIETO

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Departamento de Bacteriología

Utilidad del MALDI-TOF para la rápida identificación de bacterias

GUILLERMINA LAURA DOLCINI

Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias

Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Laboratorio de Virología

Real time-PCR, una herramienta útil para detectar copias del virus de la Leucemia Bovina

MINI CONFERENCIA

Sala Completa (Sala A) 12:00 h

Presentadora

GABRIELA GIACOBONI

Disertante

PAULA GAGETTI

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Servicio de Antimicrobianos

Staphylococcus resistentes a la meticilina en el marco de «Una Salud»: un viejo conocido en medicina humana vigente en la medicina veterinaria

MESA REDONDA

Sala A 14:00 h

Coordinadores

JAIME LAZOVSKI

GABRIELA GIACOBONI

Tema

CONSTRUYENDO EQUIPOS PARA ABORDAR LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN LA INTERFAZ HUMANO-ANIMAL-AMBIENTE

Disertantes

NILTON LINCOPAN

Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de San Pablo (Brasil)

Vigilancia genómica de la resistencia bacteriana en «Una Salud». Perspectivas y desafíos para Latino América

NICOLÁS GALARCE

Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Departamento de Medicina Preventiva Animal

Control de resistencia bacteriana a los antimicrobianos en pequeños animales en Chile: esfuerzos integrados bajo el concepto Una Salud

ALEJANDRA CORSO

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. C. G. Malbrán», Servicio de Antimicrobianos

Situación de la resistencia a los antimicrobianos: ¿De dónde venimos? ¿dónde estamos? y ¿hacia dónde vamos?

MESA REDONDA

Sala B 14:00 h

Coordinadores

GRACIELA CARLONI

FABIANA ALICIA MOREDO

Tema

ANAEROBIOS

Disertantes

ALICIA ISABEL CARRANZA

Universidad Nacional de Río Cuarto, Facultad de Agronomía y Veterinaria

Caracterización y diagnóstico de *Brachyspira* spp. Datos en Argentina

FRANCISCO UZAL

California Animal Health and Food Safety Laboratory, School of Veterinary Medicine, University of California-Davis (USA)

Diagnóstico microbiológico de las enfermedades clostridiales de los animales

ARIEL KOVAL

Biogénesis Bagó

Diagnóstico y vacunas de clostridios: pasado y presente

CONFERENCIA DE CIERRE

Sala Completa (Sala A) 17:00 h

Presentadora

SUSANA CÓRDOBA

Disertante

ANDREA FABIANA PUEBLA

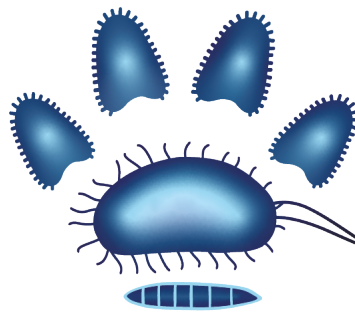
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Instituto de Agrobiotecnología y Biología molecular (IABIMO) CONICET Unidad de Genómica

Aportes de la genómica en Medicina Veterinaria

PALABRAS FINALES DE LAS AUTORIDADES DEL CONGRESO

CIERRE

Resúmenes de las disertaciones



**I Congreso de
Microbiología
Veterinaria**

Luis Pasteur: un hombre que distinguió la esperanza biológica

RAMÓN NOSEDA

Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria (ANAV). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

rnosedada@laboratorioazul.com.ar

¿Merece que describa hoy los «Nuevos Microorganismos» que, desde aquella época hasta hoy, llenan listas innumerables que solo servirán para manifestar un alarde de semántica y memoria? Yo les propongo otra cosa: bucear en lo recóndito de ese ser excepcional que fue Louis Pasteur (1822-1895). Con setenta y cinco años de actividad plena, sin dudas fue un faro de luz que iluminó con intensidad divina a todas las generaciones relacionadas con las ciencias biológicas, sobre todo a las dos medicinas, humana y veterinaria. Recordar a aquel hombre que cuando el pueblo de París le donó su Casa-Laboratorio (actual sede del Instituto Pasteur) dijo: «La humanidad tiene dos opciones: una ley de sangre y muerte, que inventa cada día nuevos medios de combate y obliga a los pueblos a estar siempre prevenidos para la guerra, o una ley de paz, de trabajo y de salud, que sólo procure librar al género humano de los flagelos que lo amenacen». La ciencia francesa obedecerá «siempre a los dictados de la ley humanitaria y se esforzará por prolongar los límites de la vida». La ciencia y la fe no solo son compatibles sino que se refuerzan mutuamente. Como decía Louis Pasteur, «un poco de ciencia aleja de Dios, pero mucha ciencia devuelve a Él». Pasteur recibió duras críticas de académicos de las ciencias naturales, que finalmente tuvieron que darle la razón. La idea de que todo organismo proviene de otro (*omne vivum ex vivo*) supuso una revolución no solo en el mundo de la microbiología, sino de la

biología en general; y le llevó a formular la Teoría Germinal de las Enfermedades Infecciosas, según la cual los contagios se deben a la capacidad de los microorganismos para transmitirse de una persona a otra a través del aire o del contacto físico. Pasteur, el héroe de la Medicina y la Veterinaria que no fue Médico ni Veterinario, señaló el nacimiento de la vacunoterapia al desarrollar las vacunas antirrábica, anticarbunclosa y anticólera aviar. Reflexionaba mientras desarrollaba sus vacunas: «Creer que se ha hecho un descubrimiento científico importante, sentir la fiebre de anunciarlo, pero constreñirse durante días, semanas y a veces años, a debatir las propias ideas, atacar las propias experiencias y no proclamarlo sino después de haber agotado las evidencias de todas las hipótesis contrarias», eso es sumamente arduo. Mas es enorme la alegría de alcanzar la certidumbre después de tantos esfuerzos, y esta alegría se acrecienta aún más, al pensar que con nuestro esfuerzo, hemos contribuido a honrar la patria. «Si la ciencia no tiene patria, el hombre de ciencia debe tenerla, para ofrendarle los lauros que sus trabajos alcancen en el mundo». Fue así que en el año 1886 Pasteur, conociendo la grave crisis sanitaria causada por el carbunclo, envía su vacuna anticarbunclosa al gobierno argentino, a fin de controlar dicha zoonosis. La labor del Instituto Pasteur es constante y tenaz; prueba de ello son los diversos descubrimientos en bien de la humanidad: por ejemplo, en 1894 Yersin descubre el bacilo de la peste; en 1921, Calmette y Guérin crean la vacuna antituberculosa BCG; en 1954, Jonas Salk y Albert Sabin descubren la vacuna antipolio; en 1983, Luc Montagnier identifica al virus del SIDA, descubrimiento por el cual se le otorgó el premio Nobel de Medicina junto a la investigadora francesa Françoise Barré-Sinoussi. Entre otros muy importantes hallazgos se pueden mencionar la vacuna contra la hepatitis B; en el año 2003, se descubren valiosos elementos para el diagnóstico rápido de la peste y del cólera, al igual que en el 2006 para la meningitis. Todo ello es posible gracias a las

catorce unidades de trabajo con que cuenta el Instituto Pasteur y que están en permanente labor. El espíritu de Luis Pasteur debe permanecer entre nosotros, por ser ejemplo de un hombre integral, con fe en Dios y espíritu crítico de sus actos.

OIE y los desafíos para la sanidad animal mundial

LUIS OSVALDO BARCOS

Representante regional de la OIE para las Américas, Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

rr.americas@oie.int

Fundada en 1924 como Oficina Internacional de Epizootias, la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) es el organismo intergubernamental que garantiza el comercio seguro de animales y sus productos derivados. Las normas de la OIE son utilizadas como referencia para la Organización Mundial del Comercio (OMC) y esto se suma a las actividades que realiza la OIE en cuanto a la recopilación y difusión de información sanitaria mundial, así como acciones para mejorar la sanidad y el bienestar de los animales en el mundo. El Séptimo Plan Estratégico de la OIE para el periodo 2021-2025 ha establecido como prioridades la búsqueda de excelencia científica, generando políticas de manera independiente y transparente, así como promover la solidaridad entre sus 182 países miembro, aplicando esquemas de asociaciones multisectoriales y promoviendo la buena gobernanza en sus actividades. La pandemia de COVID-19 ha puesto de manifiesto la importancia del equilibrio en la interacción entre la fauna silvestre, los animales domésticos y los seres humanos, y ha mostrado la importancia de la detección temprana de las enfermedades de potencial transmisión zoonótica. No debemos olvidar tampoco que esta pandemia ha puesto en relieve la importancia del equilibrio ecológico dentro de un contexto de cambio climático y calentamiento global. En cuanto a la interacción con la fauna silvestre en esta interfase humano/animales/ambiente, la OIE ha

desarrollado el Marco de Gestión Sanitaria de Fauna Silvestre. Este marco de trabajo global tiene el objetivo de actuar como guía para desarrollar las capacidades para anticiparse, reducir y gestionar el riesgo de eventos de derrame de patógenos entre los animales silvestres, los animales domésticos y los seres humanos en la interfase animal/humano/ecosistema, con un enfoque de «Una sola salud». El enfoque de «Una sola salud», por su parte, requiere de una eficiente interacción entre agencias y organizaciones intergubernamentales, incluyendo a los productores de animales y la industria del procesamiento. Merece destacarte el trabajo conjunto de la Alianza Tripartita FAO/OIE/OMS, con numerosas guías y publicaciones, que se enfocan en temas como la rabia transmitida por caninos, las influencias zoonóticas y la resistencia a los antimicrobianos. Este contexto también ha puesto en relieve la necesidad de contar con Servicios Veterinarios con la suficiente capacidad de respuesta rápida a emergencias, como uno de tantos bloques necesarios en la construcción de resiliencia en los sistemas productivos y sanitarios. Esto requiere de la aplicación de este concepto de «Una sola Salud» a nivel de los países, mejorando la colaboración entre las agencias y órganos de gobierno nacionales.

Para mayor información, puede visitarse el sitio web de la OIE: www.oie.int

La importancia del diagnóstico confirmatorio en tuberculosis

MARCELA MARTÍNEZ VIVOT

Cátedra de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mvivot@fvvet.uba.ar

El diagnóstico confirmatorio de una patología en caninos y felinos constituye un verdadero desafío para el veterinario clínico, especialmente en aquellas enfermedades crónicas que presentan una serie de manifestaciones clínicas inespecíficas. Cuando se sospecha de una enfermedad zoonótica, la rapidez en establecer el diagnóstico certero es fundamental, ya que representa un riesgo tanto para la familia como para otros animales que conviven con el enfermo. En este panel, se van a presentar tres casos clínicos de tuberculosis en caninos y felinos, en que fue necesario acudir a estudios más complejos, que requirieron de un laboratorio especializado para poder arribar al diagnóstico certero. Los métodos objetivos como el citológico, donde se observan bacilos ácido-alcohol resistentes (BAAR) con la coloración de Zielh Neelsen, y el estudio histopatológico representan un diagnóstico efectivo que, junto a los datos clínicos y epidemiológicos, pueden orientarnos cómodamente al diagnóstico. Sin embargo, siempre que exista la sospecha de una zoonosis como la tuberculosis, resulta relevante su confirmación definitiva. Para ello, el cultivo bacteriológico en los medios Löwestein Jensen y Stonebrink y la tipificación por métodos moleculares representan el diagnóstico fundamental para la toma de decisiones relacionadas al tratamiento o eutanasia del animal y para orientar los pasos a seguir con los humanos convivientes. **Caso 1:** Un perro adulto mestizo, con historial

de haber vivido en la calle junto con una persona sin hogar. Fue rescatado y colocado en un hogar de tránsito. Al poco tiempo, se observó un desmejoramiento generalizado con descenso de peso y fiebre. En la revisión clínica se detectó dolor abdominal. Se realizaron una serie de estudios complementarios, entre ellos una ecografía, radiografía y análisis de sangre. Se decidió realizar una laparotomía exploratoria, donde se observó una masa en hígado y mesenterio. Se tomó una muestra para realizar estudios histopatológicos e impronta de las lesiones donde se observaron BAAR. El cultivo reveló al cabo de tres semanas crecimiento de colonias. Se hizo PCR para la detección del Complejo *Mycobacterium tuberculosis* (PCR-IS6110). Posteriormente se realizó la genotipificación por la técnica de Spoligotyping, que reveló un patrón compatible con *Mycobacterium tuberculosis*.

Caso 2: Un felino macho castrado, común europeo, de 7 años con una lesión granulomatosa ulcerada en la cara de más de un año de evolución y con estado general bueno. Había recibido varios tratamientos con antibióticos y antimicóticos tópicos y sistémicos sin respuesta favorable. Se tomaron muestras de la lesión y se procesaron por métodos histopatológicos, bacteriológicos y moleculares. La histopatología y la coloración de Ziehl Neelsen revelaron BAAR. La PCR directa de tejido fue positiva para micobacterias pertenecientes al complejo *Mycobacterium tuberculosis*. De las colonias desarrolladas en el medio Stonebrink se realizó el Spoligotyping identificándose la especie *Micobacterim bovis* con patrón genómico SB0140.

Caso 3: Un paciente canino, de 3 años, macho castrado, raza schnauzer miniatura con un cuadro de decaimiento y de malestar gastrointestinal que fue mejorando con el tratamiento sintomático. Sin embargo, con la evolución de los días, manifestó adenomegalia evidente en linfonódulos poplíteos, submaxilares, pre-escapulares y axilares. En la ecografía abdominal se evidenció linfadenopatías en el mesenterio, así como esplenitis. Se

realizó una PAAF del linfonódulo poplíteo izquierdo revelando linfadenitis granulomatosa con BAAR. El diagnóstico definitivo se realizó por cultivo. Se realizó la identificación de especie de micobacteria presente por medio de la técnica de PCR. Los resultados fueron positivos a la secuencia de inserción 1245 y negativos a IS901 y a IS900, indicando que se trataba de *Mycobacterium avium hominissuis*, una micobacteriosis potencialmente zoonótica cuyas lesiones suelen ser indistinguibles de las de tuberculosis. Existe cierta predisposición racial en los Schnauzer Miniatura, donde el 8 % de ellos tiene un gen portador de MAC (complejo *Micobacterium avium intracellulare*). En la Argentina, la Ley N° 15.465 establece la obligatoriedad de notificar los casos de tuberculosis a las autoridades sanitarias más próximas. La denuncia debe hacerla el veterinario que haya asistido al animal enfermo o el laboratorista que haya realizado los estudios complementarios.

Palabras clave: diagnóstico, tuberculosis, bacteriología, métodos moleculares.

Rol del laboratorio para el diagnóstico de las enfermedades en canaricultura y ornitología

SERGIO ADRIÁN SAMUS

Ex director técnico del Laboratorio de Diagnóstico y Prevención Veterinario (LaDiPreVet). La Plata, Buenos Aires, Argentina

sergioasamus@gmail.com

Los criaderos de aves ornamentales presentan los mismos riesgos que cualquier otra explotación agropecuaria, debido a la gran cantidad de individuos en un espacio reducido, alimentación artificial, exigencia de productividad, fallas de bioseguridad, etc. A esto, le debemos sumar el uso, muchas veces extremo, de la consanguinidad para obtener ejemplares de alto valor competitivo. Nuestro objetivo de estudio se centra en el orden *Passeriformes* (pájaros) que con 5700 especies compone más de la mitad de la clase aves. En la República Argentina, existen tres asociaciones de criadores de orden nacional de canaricultura y ornitología, que a su vez congregan alrededor de 150 asociaciones regionales, calculándose unos 3000 socios que anillan alrededor de 350.000 aves por año. La mayoría de los canaricultores y criadores de pájaros autóctonos o exóticos son hobbistas, pero año a año se nota una creciente profesionalización de la actividad y por lo tanto un aumento de la avidez por adquirir conocimientos. Tradicionalmente, las consultas en temas sanitarios, de nutrición, genética y manejo se realizaban entre sus pares o en grupos y asociaciones; sin embargo, actualmente se observa un importante aumento de consultas a profesionales veterinarios y laboratorios de diagnóstico especializados en el tema. Así también ha crecido la cantidad de empresas y laboratorios dedicados al desarrollo y

comercialización de productos para uso en ornitología. El elevado metabolismo de los pájaros acorta todos los tiempos, incluso en las enfermedades, desde los primeros signos hasta la muerte, puede ser cuestión de horas o muy pocos días. En general, los canaricultores tienen una muy fina capacidad de observación y detectan infinidad de signos que nos deben transmitir en la anamnesis cuando nos consultan. Sin embargo, con los datos obtenidos es muy improbable llegar a un diagnóstico ya que muchas enfermedades se superponen en cuanto a síntomas, pero nos orientan en el procesamiento de las muestras. El procesamiento de laboratorio se centra básicamente en una buena anamnesis, una prolija y completa necropsia, microscopía directa y con coloraciones de exudados, mucosas y contenido de órganos, estudios bacteriológicos, micológicos y parasitológicos completos de todos los órganos afectados y sospechosos, análisis coprológico completo, toma de muestras para histopatología, inmunofluorescencia, aislamiento viral y PCR según corresponda, bacteriología en pichones y en huevos embrionados o blancos. Todos los animales remitidos deben ser procesados por igual, ya que en muchas oportunidades se encuentra más de una enfermedad en el mismo episodio sanitario. Sabemos que la urgencia en el diagnóstico va en detrimento de su calidad y profundidad, pero dada la velocidad con que evolucionan los cuadros patológicos, optamos por emitir un informe preliminar con los resultados de las primeras horas, como los parasitológicos, micológicos o los obtenidos de lesiones patognomónicas, para que el productor pueda tomar las primeras medidas, y un informe final luego de completados el resto de los estudios. El informe no debe limitarse al diagnóstico. Es importante plantear un pronóstico, un tratamiento, medidas de higiene, plan de vacunaciones, esquema de alimentación y normas de bioseguridad para disminuir el empirismo y aumentar la profesionalización de la actividad.

Palabras clave: diagnóstico, enfermedades, canaricultura, ornitología, animales exóticos.

Caso clínico de coccidioidomicosis en un canino de Catamarca

MARIANA NOELIA VIALE

Servicio Micosis Profundas. Departamento Micología, Laboratorio Nacional de Referencia en Micología (LNRM), Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

viale.mariana.noelia@gmail.com

La coccidioidomicosis (CDM), clasificada como una sapronosis, es una micosis sistémica causada por *Coccidioides immitis* (endémico de California, Estados Unidos) y por *Coccidioides posadasii* (endémico en el resto de las Américas). El hongo se multiplica en suelos secos, alcalinos y con vegetación xerófila, donde las precipitaciones anuales no sobrepasan los 600 mm y los veranos son extremadamente calurosos. En el medio ambiente desarrolla la fase micelial, que produce los artroconidios que ingresan por inhalación al hospedero susceptible y se establecen en el pulmón, donde desarrolla su fase parasítica, que se caracteriza por esférulas con endosporas. La enfermedad en general tiene un curso asintomático, aunque también se puede presentar como una enfermedad pulmonar leve o incluso en algunos casos desencadenar en enfermedad multisistémica diseminada que puede causar la muerte. La CDM ha sido descrita en humanos, en un gran número de otros mamíferos y eventualmente en aves y reptiles. Los animales pueden actuar como centinelas epidemiológicos de la enfermedad, debido a que comparten un ambiente común y a la estrecha relación existente, principalmente con los caninos domésticos. En la República Argentina, el hongo encuentra su hábitat en la zona árida precordillerana, visualizándose los índices de infección más elevados en la provincia de Catamarca. El primer caso de CDM en caninos en nuestro país fue descripto por

Iglesias-Casal en 1997 y confirmado por el Departamento Micología del INEI-ANLIS-Malbrán. Se trataba de un perro, macho, joven, de raza Bóxer, residente en Catamarca que presentó pérdida de peso, tos, disnea, hipertermia, claudicación, lesiones plantares ulceradas, y adenopatías submaxilar y poplítea. La radiografía de pulmón reveló neumonitis con patrón intersticial y los análisis de laboratorio leucocitosis con neutrofilia e hiperglobulinemia. El estudio histopatológico de las lesiones dérmicas indicó granuloma histiocitario subepidérmico con elementos compatibles con *Coccidioides* sp. A pesar del tratamiento antifúngico, el animal debió ser sacrificado por la gravedad del cuadro clínico y la falta de respuesta al tratamiento. La CDM fue confirmada por detección de anticuerpos anti-*coccidioides* en suero, examen directo del ganglio submaxilar aclarado con KOH y cortes histológicos del ganglio teñidos por inmunohistoquímica. En el cultivo desarrolló un hongo de micelio hialino con abundantes artroconidios identificado como *Coccidioides posadasii*. Desde la descripción de este caso, el Departamento de Micología del INEI-ANLIS-Malbrán, comenzó a realizar una vigilancia activa de la CDM en caninos, en colaboración con el Hospital San Juan Bautista (HSJB) de Catamarca y veterinarios de la provincia. A partir del año 2005 se observó un aumento en la cantidad de caninos con serología positiva para CDM; esto coincidió con la provisión de reactivos para inmunodifusión y la capacitación brindada por el Departamento de Micología del INEI-ANLIS-Malbrán en la provincia. Debido a la importancia epidemiológica de la CDM en Catamarca, a principios de 2018 se promulgó una Ley Provincial de Prevención, Detección y Tratamiento de la CDM (Ley N° 5523 – Decreto N° 1765), la cual instrumenta la notificación obligatoria de la enfermedad por parte de médicos y veterinarios tanto del sector público como privado. En el año 2019 comenzó un proyecto de investigación realizado en colaboración entre el HSJB y el Departamento de Micología del INEI-

ANLIS-Malbrán con el fin de intensificar la vigilancia en caninos. Asimismo, ambas instituciones, con el apoyo de los CDC, estamos evaluando técnicas de inmunocromatografía para ampliar la capacidad diagnóstica en las áreas geográficas endémicas. Hasta el momento se detectaron anticuerpos anti-*coccidioides* en más del 20 % de los caninos con sospecha de CDM. Además, se determinó que la mayoría de ellos residían en el casco urbano de la ciudad de San Fernando del Valle de Catamarca y que sus principales síntomas eran dolor o claudicación de miembros, fiebre, pérdida de peso, anorexia, debilidad y tos.

Palabras clave: coccidioidomicosis, micosis endémicas, sapronosis, perros, Catamarca.

Disfagia faríngea por micosis de las bolsas guturales en un equino

MARTA INÉS MONINA

Semiología y Propedéutica, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Pampa (UNLPam), profesional independiente. La Pampa, Argentina

martamonina014@gmail.com

Un equino de 10 años de edad se remitió a consulta por un cuadro de disfagia severa, con descarga nasal de alimentos y saliva y síndrome de Horner. Se internó en el Hospital Escuela de la Cátedra de Medicina Equina de la Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV) de la UNLP, con el propósito de arribar al diagnóstico definitivo e instaurar el tratamiento. La sospecha de infección micótica se basó en la visualización directa de membranas diftéricas (muy sugerentes de micosis) en ambas bolsas guturales vía examen endoscópico. Las muestras tomadas mediante pinza de biopsia se remitieron a la Cátedra de Micología Médica e Industrial de la FCV-UNLP y al Laboratorio de Antifúngicos del Departamento de Micología del INEI-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Por examen directo y cultivo se identificaron dos especies de *Aspergillus* (*A. fumigatus* BGI [28] y *A. Sección Flavi* BGD[28]). El tratamiento médico empleado —basado en las pruebas de sensibilidad sistémica— informado por el Instituto Malbrán consistió en la administración de itraconazol sistémico (5 mg/kg, cada 24 h) y local (100 mg diluido en 60 ml de solución fisiológica para la administración por vía endoscópica, dentro de las bolsas guturales a nivel de las placas fibrinonecróticas, cada 48 h). A 18 días de tratamiento se remitieron dos muestras de suero (una tomada antes de la medicación oral y la segunda 4 h post administración) al

Laboratorio de Análisis Clínicos y Medicina Nuclear del Dr. M. Schere.
Por el método de cromatografía líquida HPLC, los resultados fueron:

Determinación	Resultado	Unidad
Itraconazol (Valle)	479	ng/ml
Itraconazol (Pico)	955	ng/ml

Rango terapéutico: Nivel mínimo en valle 500 ng/ml

Dado que no se sobresaturó la concentración plasmática, no estaba en riesgo de disminuir la biodisponibilidad del fármaco y puesto que se mantenía dentro de los valores indicados para el tratamiento, se decidió continuarlo, monitoreando con nuevos muestreos para comprobar la presencia de hongos. Las placas fúngicas fueron disminuyendo de tamaño hasta la remisión total al día 30 del tratamiento. Mediante la pinza de biopsia del endoscopio se extrajo el último remanente de la placa fúngica y por cultivo se verificó la ausencia de crecimiento micótico. La función hepática fue continuamente monitoreada mediante análisis bioquímicos, sin encontrar signos de disfunción en ningún momento. Si bien el tratamiento con itraconazol fue efectivo para el control de la placa fúngica, el daño irreversible que ésta provocó al nervio glossofaríngeo y la rama faríngea del nervio vago en su pasaje por el aspecto interno de las bolsas guturales, no permitió solucionar la disfagia. Las placas micóticas también afectaron al nervio carotídeo interno (axones simpáticos postganglionares) provocando la parálisis de los músculos de la órbita (síndrome de Horner), por lo que aún solucionado el origen de la afección se decidió realizar la eutanasia humanitaria del paciente. El tratamiento de las micosis de bolsas guturales plantea siempre un gran desafío debido a la complejidad del cuadro clínico y a

la anatomía particular de las estructuras involucradas. El diagnóstico clínico mediante el estudio ecográfico y endoscópico más el apoyo de los laboratorios de análisis clínicos, de micología, de antifúngicos y de medicina nuclear, permitieron arribar al diagnóstico definitivo, instaurar la terapéutica adecuada y monitorear los resultados.

Palabras clave: empiema bolsas guturales, disfagia, micosis.

Nota: Este trabajo fue realizado en forma conjunta con el personal docente del Hospital Escuela de la Cátedra de Medicina Equina y de la Cátedra de Micología Médica e Industrial de la FCV-UNLP, el personal del Laboratorio de Antifúngicos del Departamento de Micología del INEI-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán» y el Laboratorio de Análisis Clínicos y Medicina Nuclear del Dr. M. Schere.

Salmonelosis multisistémica en lechones en recría I

GUSTAVO CARLOS ZIELINSKI

Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez (EEA-INTA Marcos Juárez). Marcos Juárez, Córdoba, Argentina

gzielinski@coyspu.com.ar

Los sistemas de producción porcina intensiva, con altísima productividad medida en kilogramos de carne producidos por cerda en producción (capones/cerda/año), adoptados en las últimas décadas en el mundo y en nuestro país, exigen de alguna manera forzar la fisiología normal de la especie a fin de lograr optimizar los índices productivos de acuerdo a su potencialidad genética y al manejo a que son sometidos los animales. En este orden, el destete temprano entre los 21 y 28 días de edad en granjas de dos o tres sitios es una de las prácticas adoptadas universalmente a fin de aprovechar la potencialidad reproductiva de las hembras, acortando el intervalo entre partos y disminuyendo sus días no productivos. Este acortamiento de la lactancia y de la incorporación de inmunidad lactogénica hace que los lechones, con un desarrollo del sistema inmune muy joven y con limitada exposición a patógenos endémicos de la granja, sean especialmente susceptibles a ellos, desarrollando frecuentes cuadros de enfermedad, a veces con alta letalidad, debido principalmente a distintos agentes bacterianos. Entre estos podemos contar a *Escherichia coli* productora de toxina Shiga-like, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Salmonella* spp. Estos agentes producen signos, síntomas y lesiones que pueden superponerse, como hipertermia, muerte súbita, diarrea, tos, y lesiones como enteritis, neumonía, pleuritis y pericarditis, congestión

meníngea, edemas. Cada una de estas entidades tiene su particular patogenia y responde a medidas de prevención y control *ad hoc*, necesitando por tanto la intervención del laboratorio de microbiología, particularmente bacteriología, para un diagnóstico preciso que permita diseñar estrategias de tratamiento, prevención y control a medida. El caso que se describe a continuación tuvo lugar en una granja intensiva, con un stock de 700 madres, dividida en tres sitios: sitio 1: servicio, gestación y lactancia; sitio 2: recria I y recria II; sitio 3: engorde. El problema sanitario se originó en el galpón de la recria I, que consistía en salas divididas por un pasillo y dos secciones sobreelevadas sobre un *slat* con capacidad para 55 lechones por sección. Los animales entraban con 28 días de edad, previa vacunación contra neumonía enzoótica y circovirus e inoculación de una dosis de ceftiofur LA y permanecían por 4 semanas en las instalaciones. A los 6-7 días luego de la entrada, los animales comenzaron a mostrar distintos signos y síntomas: mal estado general, emaciados, presencia de tos en algunos y otros con sintomatología neurológica, cianosis de punta de orejas y hocico. Se calculó que la mortalidad en esa categoría de animales fue del 15 % durante un periodo de 4 semanas sobre un total aproximado de 700 lechones. Se realizó la necropsia de 6 lechones con distintas sintomatologías y se observaron las siguientes lesiones: hepatomegalia, neumonía tipo consolidativa con ubicación anteroventral, emaciación y diarrea con hipertrofia del ganglio inguinal superficial, neumonía tipo lobar con pleuritis fibrinosa, esplenomegalia. Al laboratorio de bacteriología se enviaron muestras de SNC, pulmón, hígado y bazo; a histopatología se envió pulmón, ganglio inguinal superficial, hígado y bazo; se realizaron estudios por PCR para determinación de virus influenza y *Mycoplasma hyopneumoniae* (*M. hyop.*). El estudio bacteriológico informó que se aisló e identificó *Salmonella* spp. a partir de tres de los pulmones

enviados y de una muestra de hígado. El estudio de sensibilidad antibiótica determinó que todos los aislamientos eran sensibles a florfenicol, fosfomicina y sulfa-trimetoprim; moderadamente sensibles a ceftiofur y norfloxacin y resistentes a doxiciclina y tilmicosin. Las PCR fueron positivas para *Mycoplasma* y negativas para influenza. La histopatología determinó la existencia de lesiones necróticas multifocales en hígado compatibles con salmonelosis sistémica, mientras que en los pulmones se determinó la existencia de una bronconeumonía supurativa con necrosis bronquial y áreas de neumonía intersticial, sin observarse lesiones compatibles con *M. hyop*. Luego de la instauración de una terapéutica basada en la administración de florfenicol en agua de bebida y recomendar ajustar la higiene de las instalaciones, la morbilidad se redujo en forma inmediata. El caso enfatiza la importancia del laboratorio de bacteriología en el diagnóstico final de la infección, que pudiera haber sido también causada por *Pasteurellas* u otra especie microbiana, con distinta sensibilidad a los antibióticos. La PCR positiva a *M. hyop* junto a las lesiones macrocompatibles, pudieron confundirlo, aunque la edad de los animales y los índices de morbilidad no correspondían a neumonía enzoótica.

Palabras clave: porcinos, salmonelosis, mortalidad.

Nota: Este trabajo fue realizado en forma conjunta con el Dr. Fernando Aníbal Bessone.

Casos en medicina veterinaria de difícil diagnóstico en bovinos, resueltos a partir de la intervención del laboratorio de microbiología

GABRIEL EDUARDO TRAVERÍA

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

traveria@fcv.unlp.edu.ar

El diagnóstico de los problemas sanitarios en bovinos se fundamenta en una variedad de recursos, como la anamnesis, la reseña, la epidemiología, la observación clínica, el diagnóstico por imagen, la patología macro y microscópica, el inmunodiagnóstico, la amplificación de ácidos nucleicos y la microbiología, entre otros métodos. Cada método resuelve distintas situaciones; a continuación se describe la resolución de casos con la identificación microbiológica del agente causal. Los casos descriptos corresponden a *Dermatophilus congolensis* y *Bacillus anthracis*; las marchas bacteriológicas mencionadas son sencillas, se resuelven con equipamiento microbiológico básico, en tiempo y costos razonables. Por último, se menciona el rol de la microbiología, como referencia en la estandarización de pruebas diagnósticas indirectas, en enfermedades producidas por micobacterias. **Caso 1:** Se recibe la consulta sobre la presentación de mortalidad y aparente dificultad para orinar en bovinos machos castrados. Se realizó la necropsia y muestreo para histopatología, bacteriología y virología. En un principio no se logró comprobar una causa y se procedió a revisar lo realizado. En las coloraciones de bacteriología se revalorizó la presencia de cocos, en apariencia grampositivos en las muestras clínicas, en un

principio atribuida a una colonización secundaria debido a que, en apariencia, no llevaba a ningún diagnóstico de peso compatible con el cuadro clínico. En una observación más minuciosa, y clave para la resolución del caso, se distinguió una agrupación cocoidea similar a las vías del tren, sugiriendo la posible presencia de *Dermatophilus congolensis*. En pruebas posteriores, se comprobó que el germen fue de difícil observación, la coloración de hematoxilina y eosina regularmente utilizada en histopatología no distinguió la presencia del germen, la coloración de Grocott permitió observar las formas típicas. La coloración de Gram se debe modificar, disminuyendo la exposición del cristal violeta a solo 15 segundos, la coloración rápida de Tinción 15 es una buena alternativa, el aislamiento se realizó en agar sangre. **Caso 2:** Se recibió un pulmón bovino de unos 5-6- meses de edad, con diagnóstico presuntivo de neumonía. En estos casos es habitual el desarrollo de colonias bacterianas lisas, compatibles con gérmenes gramnegativos perteneciente a los géneros *Pasteurella*, *Histophilus* y *Mannheimia*. Se aisló un cultivo puro de colonias rugosas similar al vidrio esmerilado, con bordes festoneados, pertenecientes a un bacilo grampositivo con formación de esporas centrales. Se tipificó como *Bacillus anthracis* con las siguientes características: ausencia de hemólisis, sensibilidad a la penicilina y presencia de cápsulas teñidas con azul de metileno cuando se sembró en agar tripticasa soja en atmósfera de CO₂ al 5 %, 10 % de suero bovino y 5 % de bicarbonato de sodio. La presencia de la cápsula se pudo observar después de una incubación de aproximadamente 4 horas. En el diagnóstico de carbunco, la microbiología es muy eficiente en la detección del agente. La práctica de vacunar animales adultos, sin incluir a los jóvenes, modifica la presentación de la enfermedad, se manifiesta en edades poco frecuentes, como en este caso, y desorienta el diagnóstico. Se destaca el aporte del aislamiento del agente causal, en el diseño de las pruebas diagnósticas para el

control de enfermedades infecciosas. En las enfermedades causadas por micobacterias, como la tuberculosis y la paratuberculosis, el aislamiento y la tipificación bacteriana es la prueba de referencia para la estimación de sensibilidad y especificidad (atributos) en las pruebas de diagnóstico indirecto como las pruebas de ELISA y tuberculina.

Palabras clave: *Bacillus anthracis*, *Dermatophilus congolensis*, rumiantes, bacteriología.

Co-ocurrencia de β -lactamasas clínicamente relevantes y genes que codifican *mcr-1* en *Escherichia coli* en animales de compañía en Argentina

MARÍA VALERIA RUMI

Microbiología, Centro de Estudios Transdisciplinarios de Epidemiología (CETE), Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular (IBaViM), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mvrumi@fvvet.uba.ar

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una preocupación creciente tanto en la salud pública como en medicina veterinaria. Los antibióticos (AB) β -lactámicos son muy usados en la clínica veterinaria por su amplio espectro, baja toxicidad, disponibilidad para uso parental y oral, y su bajo costo. A nivel mundial y en Argentina hemos observado el mismo comportamiento: se ha reportado un aumento de la resistencia a β -lactámicos en enterobacterias, principalmente asociado a la producción de enzimas β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y AmpC mediada por plásmidos, principales mecanismos de resistencia a las cefalosporinas de tercera generación. Estas β -lactamasas, que generalmente se hallan localizadas en plásmidos, pueden estar acompañadas de genes que codifican resistencia para aminoglucósidos, tetraciclinas, quinolonas y trimetoprima/sulfametoxazol, generando aislamientos multirresistentes (MR). Debido a la emergencia de estos aislamientos MR, la colistina fue nuevamente considerada para uso terapéutico como última línea de defensa para el tratamiento de infecciones causadas por bacterias gramnegativas MR, en particular

Enterobacteriaceae resistentes a carbapenemes. A poco tiempo de su reutilización, en China, se detectó por primera vez la aparición del gen de resistencia a la colistina móvil *mcr-1* transmitido por un plásmido y, desde entonces, se reconoció de forma explosiva en diferentes especies bacterianas en todo el mundo, incluso en aislamientos de hace más de diez años, donde parece haber circulado inadvertidamente. El estudio genotípico de cepas de *E. coli* recuperadas de muestras clínicas de caninos y felinos de Buenos Aires, nos permitió detectar la presencia de estas enzimas tipo AmpC (CMY-2) y BLEE (CTX-M de los grupos 1, 2 y 9), similares a las que circulan en enterobacterias recuperadas de aislamientos humanos de la región. Es para destacar que una alta proporción de estos aislamientos fueron MR y uno de ellos, además, presentó resistencia a colistina. Esta cepa uropatógena de *E. coli* portadora del gen *mcr-1*, constituye el primer aislamiento reportado de animales de compañía en América del Sur. El estudio en detalle, mediante la secuenciación completa del genoma, permitió caracterizar su resistoma, detectando genes de resistencia a β -lactámicos (*bla*CTX-M-2), aminoglucósidos (*aadA1* y *ant*(2'')-Ia), sulfonamidas (*sul1*), macrólidos (*mph*(B)) y al fenicol (*catA1*). El gen *mcr-1* presente en un plásmido conjugativo identificado como IncI2, fue exitosamente transferido mediante ensayos de conjugación. Los animales de compañía representan fuentes latentes de propagación de la RAM debido al amplio uso de antibióticos, tanto a nivel terapéutico como profiláctico, y por su estrecho contacto físico con los seres humanos, considerados como un integrante más del grupo familiar. En una verdadera estrategia basada en «Una Salud», es necesario conocer en detalle el uso de antimicrobianos en las poblaciones de seres humanos, ganado y, también, en los animales de compañía. Realizar un diagnóstico rápido y certero, monitorear la evolución del cuadro clínico y hacer un uso responsable de los AB son pilares fundamentales junto a la vigilancia integrada de la RAM, que

ayudará a disminuir el impacto de este fenómeno y limitar su propagación.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, *Escherichia coli*, caninos, felinos, betalactamasas, *mcr-1*.

Mucorales: los voraces de la micología

RUBÉN ANTONIO ABRANTES

Servicio Micosis Superficiales y Hongos Miceliales, Departamento Micología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

rabrantes@anlis.gob.ar

La mucormicosis es una infección oportunista causada por especies del orden Mucorales, subfilo Mucoromycotina (anteriormente Zygomycetes). Dentro del orden, las especies identificadas con mayor frecuencia pertenecen a los géneros *Rhizopus*, *Mucor*, *Rhizomucor*, *Lichtheimia* (antes *Absidia*), *Cunninghamella*, *Apophysomyces* y *Saksenaea*. Estos hongos saprobios se encuentran predominantemente en el suelo o sobre materia orgánica en descomposición. La mucormicosis es una infección angioinvasiva, se presenta con afectación rinoorbitocerebral, pulmonar, diseminada, cutánea o gastrointestinal. Tanto en animales como en las personas, esta micosis es similar en cuanto a epidemiología, portal de entrada, localización y formación de lesiones. El pronóstico suele ser desfavorable por la velocidad en que se desarrollan las lesiones, por la rápida destrucción masiva de los tejidos afectados, y por la alta tasa de mortalidad (80-100 %). Se asocia comúnmente con pacientes inmunodeprimidos y diabéticos o como una infección secundaria en aquellos que están sometidos a una terapia antibiótica prolongada. Sin embargo, en algunas ocasiones, *Saksenaea* spp., *Apophysomyces* spp. y *Lichtheimia* spp. pueden infectar a individuos inmunocompetentes, luego de una implantación traumática del hongo. En medicina veterinaria existe un subdiagnóstico de esta micosis. El diagnóstico de laboratorio es clave frente a la sospecha clínica de una mucormicosis. Los Mucorales se pueden diferenciar de

otros agentes de infecciones fúngicas en la observación del examen directo de muestras citológicas o cortes del tejido, ya que producen hifas anchas, hialinas y cenocíticas, ramificadas en diversos ángulos. A pesar de la evidencia histológica, suele ser difícil la recuperación en cultivo, se puede aumentar la recuperación en los cultivos teniendo en cuenta el procesamiento de la muestra, etapa en donde el hongo puede dañarse y perder la viabilidad. En cultivo, se caracteriza por un micelio generalmente abundante y de rápido crecimiento. Aunque en la mayoría de las especies se observa la formación de esporangióforos característicos, los géneros *Saksenaea* spp. y *Apophysomyces* spp. suelen no formarlos, permaneciendo con el micelio estéril, por lo que necesitan un medio no convencional para inducir la esporulación. La sensibilidad *in vitro* a los agentes antifúngicos varía dentro del orden Mucorales. El cultivo y la observación microscópica de estructuras reproductivas, es una herramienta poderosa en el diagnóstico de laboratorio para la identificación preliminar de los diferentes géneros en Mucorales. La identificación molecular nos permitirá luego la identificación definitiva a nivel de especie, información que permitirá optimizar el tratamiento de los pacientes con mucormicosis.

Palabras clave: Mucorales, infección angioinvasora, mortalidad.

Factores ecológicos y moleculares asociados a la emergencia de arbovirus

LUIS ADRIÁN DÍAZ

Laboratorio de Arbovirus, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba (UNC); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Córdoba, Argentina

adrian.diaz@conicet.gov.ar

Desde los comienzos de nuestra evolución como seres humanos hemos aprendido a sobreponernos y resolver desafíos referidos a la adaptación al medio ambiente y las dificultades que esto plantea. Una de estas dificultades ha sido y son las enfermedades provocadas por agentes virales. A pesar de numerosos avances tecnológicos diseñados para el tratamiento, diagnóstico temprano y prevención, las enfermedades infecciosas siguen siendo un problema real tanto para la medicina humana como para la veterinaria, representando uno de los principales factores de la morbimortalidad humana, de animales de producción y silvestres. En la actualidad nos encontramos frente a una tercera transición epidemiológica caracterizada por la (re)emergencia de Enfermedades Infecciosas Emergentes (EIE), a nivel local, regional y global, de las cuales un porcentaje importante están relacionadas con un origen animal (silvestre o doméstico). En este grupo de EIE, aquellas transmitidas por vectores ocupan un lugar importante. Alrededor de 50 especies de arbovirus, pertenecientes a 7 familias virales, han sido identificadas como agentes infecciosos patogénicos para animales. Las encefalitis equinas del Este, Oeste y Venezuela, encefalitis de West Nile, enfermedad de ovejas de Nairobi, fiebre del Valle del Rift, fiebre de Akabane, enfermedad de Schmallenberg, enfermedad africana de caballos, lengua azul, estomatitis vesicular y fiebre africana porcina son algunos ejemplos de

enfermedades que provocan pérdidas económicas importantes. Los arbovirus requieren de dos elementos biológicos claves para su mantenimiento en la naturaleza: un artrópodo vector que transmita el virus y un hospedador vertebrado que amplifique el agente infeccioso a niveles lo suficientemente elevados para que puedan infectar a un nuevo vector. La gran mayoría de los arbovirus se mantienen de manera silenciosa para nuestros sistemas de vigilancia sanitaria ya que permanecen activos en redes de mantenimiento enzoóticas. Esa actividad viral natural se mantiene en un equilibrio dinámico gracias al balance entre diferentes fuerzas (variables, factores) que afectan la distribución, abundancia y encuentro entre virus-vector-hospedador. Para la mayoría de los arbovirus, el humano y los animales de producción representan un accidente en sus ciclos de vida por lo que no son necesarios para su mantenimiento; salvo en contadas excepciones, algunos arbovirus han sido capaces de adaptarse a un nuevo ecosistema urbano/productivo y abandonar su red de mantenimiento enzoótica. Las causas asociadas a los procesos de (re)emergencia de arbovirus son numerosas por lo que requieren de estudios interdisciplinarios, evaluaciones certeras y asesorías confiables que contemplen la multi-dimensionalidad de esta problemática y así generar políticas sanitarias de prevención, contención y resolución de la problemática. En esta disertación expondré sobre las particularidades ecológicas e históricas de los arbovirus de importancia medica veterinaria y humana; analizaremos las causas que generan la (re)emergencia de estos agentes infecciosos y los posibles enfoques que nos permitan comprender el panorama actual y futuro de esta problemática sanitaria.

Palabras clave: arbovirus, emergencia de zoonosis virales, salto de especie, uso de la tierra.

Arcobacterias

HERIBERTO FERNÁNDEZ JARAMILLO

Universidad Austral de Chile (UACH); Universidad San Sebastián (USS). Valdivia, Chile

hfernandezjaramillo@gmail.com

Las arcobacterias corresponden a bacilos gramnegativos curvos o espiralados, móviles por flagelación polar, de amplia distribución en la naturaleza, relativamente exigentes en cuanto a nutrientes y capaces de crecer en microaerofilia y aerobiosis, en un rango de temperatura que va de los 15 a los 40° C. Los primeros aislamientos en microbiología veterinaria fueron hechos a partir de fetos bovinos y porcinos en 1977-1978, siendo descritos inicialmente como *Vibrio/Spirillum*. Más tarde fueron denominados «aerotolerant *Campylobacter*-like microorganisms» y en 1991 fueron clasificados dentro del género *Arcobacter*, perteneciente a la familia Campylobacteraceae. A través de los años, el género *Arcobacter* ha experimentado una gran expansión llegando a estar constituido por 29 especies válidamente aceptadas. De ellas, 13 han sido aisladas de muestras ambientales y las otras 16, a partir de seres humanos, animales o de alimentos de origen animal, incluyendo mariscos y moluscos. En el año 2018 fue propuesta la división del género *Arcobacter* en siete géneros diferentes, a saber: *Arcobacter*, *Aliarcobacter*, *Pseudoarcobacter*, *Haloarcobacter*, *Malacobacter*, *Poseidonibacter* y *Arcomarinus*. Hasta el momento, de esta nueva reorganización del antiguo género *Arcobacter*, solo ha sido aceptado *Aliarcobacter* como un género bacteriano válido. *Aliarcobacter* agrupa ocho especies de origen animal, siendo ellas *Aliarcobacter cryaerophilus*, *A. butzleri*, *A. skirrowii*, *A. thereius*, *A. trophiarum*, *A. lanthieri*, *A. cibarius*, y *A. faecis*. De estas ocho especies, se destacan

cinco —*A. butzleri*, *A. cryaerophilus*, *A. skirrowii*, *A. thereius* y *A. lanthieri*—, las cuales han sido reconocidas como patógenos zoonóticos emergentes, transmitidos por alimentos que han sido asociados a la producción de diarrea y otros procesos infecciosos en humanos, y también han sido involucrados en abortos, mastitis y diarrea en animales domésticos. Actualmente no existe una metodología estandarizada y universalmente aceptada para el aislamiento de *Aliarcobacter*. Existe consenso en usar un preenriquecimiento en caldo selectivo adicionado de una mezcla antibiótica (cefoperazona, anfotericina B y teicoplanina) con posterior siembra en medio selectivo, o bien, filtración pasiva por membranas de 0,45 micras de poro sobre medio selectivo. Como estas especies son metabólicamente muy poco activas, la identificación se realiza por métodos moleculares, existiendo varios tipos de PCR para estos efectos. Para establecer su comportamiento a los antimicrobianos, tampoco existen métodos estandarizados para *Aliarcobacter*. Mediante los métodos Etest, dilución en agar, discodifusión y microdilución en caldo, se ha descrito resistencia a clindamicina, azitromicina, ciprofloxacina, metronidazol y tetraciclina. En estas bacterias han sido descritos como mecanismos de patogenicidad la adherencia, la invasión y la producción de citotoxinas, estudiados inicialmente mediante cultivos celulares. Más recientemente, el interés se ha centrado en la detección molecular de genes de virulencia en las cepas aisladas. Las vías de transmisión al ser humano son similares a las descritas para *Campylobacter*, destacando el consumo de agua y alimentos contaminados con *Aliarcobacter* y el contacto con animales. Su asociación como endosimbionte de amebas de vida libre parece ser un factor de persistencia ambiental. El interés en *Aliarcobacter* ha ido en aumento en los últimos años y, en Latinoamérica, ha sido aislado en México, Costa Rica, Ecuador, Brasil, Perú, Argentina y Chile, del ambiente, de aves y mamíferos

domésticos y silvestres como de alimentos de origen animal para consumo humano y de casos clínicos. Siendo estas bacterias consideradas emergentes, de origen zoonótico y potencialmente patógenos para el ser humano, es necesario realizar estudios colaborativos e interdisciplinarios que permitan, con métodos estandarizados y replicables, clarificar y definir la ecología, la epidemiología, la patogenia y otros aspectos relacionados con *Aliarcobacter* y la aliarcobacteriosis.

Palabras clave: *Aliarcobacter*, *Arcobacter*, zoonosis, diarrea, aliarcobacteriosis.

Ecología e interacción de roedores y orthohantavirus

ISABEL ELISA GÓMEZ VILLAFañE¹ Y ELIANA FLORENCIA BURGOS²

¹ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

isabelgv@ege.fcen.uba.ar

² Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMeT)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Puerto Iguazú, Misiones, Argentina

efburgos@conicet.gov.ar

El síndrome pulmonar por hantavirus (SPH) es una enfermedad infecciosa emergente endémica de América, causada por virus del género *Orthohantavirus* (familia *Hantaviridae*, subfamilia *Mammantavirinae*), transmitidos principalmente por roedores cricétidos. Es considerada una enfermedad asociada al trabajo y a las actividades recreativas al aire libre. En Argentina se reconocen cuatro regiones endémicas para esta enfermedad, que difieren en las especies reservorio, los genotipos circulantes y la epidemiología de la enfermedad: a) noroeste, b) nordeste, c) centro y d) sur. Las regiones de mayor incidencia de SPH son la región noroeste y centro, mientras que la región nordeste, la última región endémica en ser reconocida, posee una incidencia por debajo del 2 %. Si bien la transmisión al humano se produce principalmente a través de la inhalación de aerosoles de las excretas y saliva de roedores infectados, en Argentina y en Chile también se han registrado casos de transmisión interhumana causada por el genotipo Sur, la única variante para la cual se ha probado la capacidad de transmitirse de persona a persona. Es una enfermedad que no posee un tratamiento específico ni

vacunas preventivas, con tasa de mortalidad cercana al 30 %, por lo que la prevención y control de la enfermedad actualmente se enfocan en reducir la probabilidad del contacto entre el ser humano y los roedores. Trabajos de investigación realizados en las provincias de Misiones, Entre Ríos y Buenos Aires han determinado los sitios y ambientes donde habitan las especies hospedadoras y han confirmado la circulación de tres genotipos de orthohantavirus en seis especies de roedores, dentro de los cuales a algunos de ellos se los considera reservorios y a otros hospedadores accidentales por efecto de derrame del virus en la comunidad de roedores. A su vez, se ha observado que la especie hospedadora presente en cada lugar, coincide con la especie más abundante, detectándose mayor prevalencia en aquellos sitios y momentos donde la abundancia es mayor, no asociándose a la diversidad de la comunidad, como ha sido propuesto por varios autores. Datos ecológicos centrados en las especies hospedadoras han permitido observar las distancias y recorridos que realizan los individuos, registrándose que se produce un gran solapamiento en los movimientos que realizan estas especies con aquellas especies que no son hospedadoras, como así también entre individuos infectados y no infectados, lo que podría facilitar el cambio de hospedador de los patógenos y la aparición de nuevas variantes infectivas. Los datos incluidos en estos trabajos de investigación, como las características poblacionales de las especies reservorio, el genotipo del virus que portan y la relación patógeno-reservorio-ambiente son determinantes para conocer el riesgo potencial de brotes de SPH en poblaciones humanas, por lo que el entendimiento de estas interacciones dinámicas es la herramienta de base para la generación de políticas de prevención y de salud pública orientadas a las particularidades de la enfermedad en cada región.

Palabras clave: enfermedades emergentes, *Oligoryzomys*, reservorios, sigmodontinos, síndrome pulmonar por hantavirus, zoonosis.

***Sporothrix*, qué sabemos del agente causal de una saprozonosis en expansión**

ISABELLA DIB FERREIRA GREMIÃO

Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil

isabella.dib@ini.fiocruz.br

Sporothrix sp. harbors 53 species, but infections are typically caused by *S. brasiliensis*, *S. schenckii* or *S. globosa*. Historically, sapronotic transmission (from the environment) was the most common source of this fungus, but zoonotic infections have become increasingly common due to the emergence of *S. brasiliensis*. Two species generally follow an environmental route of transmission, *S. schenckii* and *S. globosa* whereas *S. brasiliensis* is almost exclusively transmitted by the bite, scratch, or contact with cutaneous lesions exudate of an infected cat. This animal species entry in the transmission chain of sporotrichosis generating epizooties (cat-cat) or zoonosis (cat-human). No documented cases of sapronotic transmission of *S. brasiliensis* exist, however fungi presence on plant and organic matter makes this type of transmission plausible. In Brazil, *S. brasiliensis* is known as the major etiological agent (> 90 % of the cases) of human and feline sporotrichosis, and has become a major public health concern. Rise and spread of sporotrichosis cases in Brazil were overlooked for several years, making a previously rare, frequent and uncontrolled disease in many regions. This emerging pathogen is highly virulent, associated to a systemic disease in cats and severe extracutaneous manifestations in humans. Besides Brazil, human and feline infections with *S. brasiliensis* have been documented in Argentina and Paraguay, showing a potential transboundary expansion of this virulent species

to other regions in Latin America. In Argentina, over the last 8 years, there have been 0.16 new feline sporotrichosis cases per month in 2011, increasing to 0.75 cases per month in 2019 involving zoonotic transmission to humans. Although zoonotic sporotrichosis produced by other *Sporothrix* spp. has been documented more widely (United States, Malaysia, India, and Mexico), these infections were caused by *S. schenckii* and typically occur as isolated cases or contained outbreaks. *Sporothrix brasiliensis* has led to a shift in the traditional epidemiology of sporotrichosis, and the zoonotic nature of this emerging pathogen poses unique barriers to halting its spread. Some of the major barriers to control cat-transmitted sporotrichosis include the lack of systematic surveillance, adequate treatment and disease control in feline populations. Feline sporotrichosis spreads widely within cat populations, which presents a hurdle to control zoonotic transmission. Due to the fact that many cats have unrestricted outdoor access, they are likely to infect other cats and shed the fungus into the environment. Lastly, limited awareness of this emerging pathogen among physicians and veterinarians also threatens containment efforts. Feline sporotrichosis early diagnosis is essential to guarantee appropriate owners prevention. In addition, prompt treatment in felines can rapidly reduce the fungal burden and transmission risk of *Sporothrix* by cats. Thus, the availability of itraconazole, the first-line treatment for humans and animals, is essential in affected areas health units. Education campaigns should aim to provide information to veterinary and human medical providers. Health authorities from neighboring countries should be aware of signs and symptoms of disease in order to identify cases early and rapidly that will allow them to implement prevention and control measures. The increased virulence, treatment challenges, and adaptation to the feline host make *S. brasiliensis* especially challenging to control, therefore the impact of this pathogen on human and feline populations has been

substantial. The risk of continued outbreaks in Brazil and dissemination into other countries further underscores the importance of addressing this emerging disease.

Keywords: sporotrichosis, *Sporothrix brasiliensis*, cat, zoonosis.

Note: This work was carried out in collaboration with Sandro Antonio Pereira, Isabela Maria da Silva Antonio, Maria Lopes Correia and Anna Barreto Fernandes Figueiredo; Fundação Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil.

Tuberculosis: nuevas herramientas para resolver un viejo problema

MARTÍN JOSÉ ZUMÁRRAGA

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

zumarraga.martin@inta.gob.ar

La tuberculosis bovina es una enfermedad infectocontagiosa crónica que afecta a los animales de producción, salvajes, silvestres, de compañía e incluso al hombre. Su agente etiológico es *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*), un bacilo ácido-alcohol resistente de crecimiento lento, que integra el complejo *Mycobacterium tuberculosis*. El método de diagnóstico de referencia o prueba de oro es el cultivo, ya que pone en evidencia de manera concluyente al bacilo, pudiendo demorar entre 30 y 60 días para obtener desarrollo. El proceso de descontaminación de la muestra previo a cultivo (método de Petroff) puede inactivar hasta el 90 % de los bacilos viables presentes en la muestra, situación crítica en muestras pausibacilares. A partir del advenimiento de los métodos moleculares en microbiología se ha simplificado tanto el diagnóstico como la tipificación de los microorganismos. Entre los métodos para la detección molecular de *M. bovis* se encuentran la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo final, su variante en tiempo real (qPCR) y la amplificación isotérmica mediada por bucles (LAMP). Estas pueden aplicarse directamente a partir de muestras clínicas (tejidos, leche, hisopados nasales) como así también a partir de un desarrollo bacteriano obtenido por cultivo para identificar la etiología del mismo. Hay que considerar que cada secuencia blanco proporciona una sensibilidad y especificidad diferente. En la qPCR se sigue el curso de

la reacción a medida que avanza en el tiempo, y como la detección de la fluorescencia emitida es proporcional a la cantidad de templado presente en la muestra es posible la cuantificación. Además, tiene la ventaja de constituir un sistema cerrado reduciendo así el riesgo de contaminación. En el caso de LAMP, la principal ventaja es la de no utilizar termociclador ni la de realizar electroforesis una vez finalizada la reacción. La lectura de los resultados es por visualización del cambio de color en el tubo de reacción. Asimismo, al igual que en qPCR, también es un sistema cerrado. Esta es una opción ventajosa para ser implementada en laboratorios de baja complejidad ya que no se requiere de equipamiento costoso. Inicialmente las técnicas de tipificación molecular de *M. bovis* eran complejas e insumían mucho tiempo, como el polimorfismo en tamaño de los fragmentos de restricción (RFLP). La incorporación de métodos basados en la técnica de PCR han simplificado significativamente esta tarea. Entre éstos se encuentran el método de hibridación reversa de Spoligotyping y las repeticiones en tándem en número variable (VNTR). Cada uno de ellos tiene un poder discriminatorio diferente, siendo el primero recomendado para establecer relaciones distantes en el tiempo (estudios poblacionales), mientras que el segundo es indicado para demostrar una transmisión reciente. La información epidemiológica clásica del caso estudiado es fundamental para interpretar y sustentar el resultado obtenido. Por otra parte, las técnicas moleculares no reemplazan a los métodos tradicionales de diagnóstico ya que cada uno evalúa un fenómeno biológico diferente; en el caso de la PCR se detecta el ADN del bacilo y en el cultivo la viabilidad del agente bacteriano. Además el cultivo nos proporcionará la masa bacteriana necesaria para realizar los estudios de tipificación molecular. Otro capítulo lo constituyen las micobacterias no tuberculosas (MNT), ampliamente distribuidas en el medio ambiente, como el agua y suelo. En ciertas circunstancias este grupo de micobacterias pueden

causar enfermedad (micobacteriosis), también pueden interferir con el diagnóstico de tuberculosis o paratuberculosis, y en otros casos son hallazgos obtenidos por cultivo. En este contexto, la identificación y tipificación precisa de MNT es una tarea importante, siendo los métodos moleculares la mejor opción. Entre éstos se encuentran el análisis de los fragmentos de restricción de PCR (PRA) y la secuenciación de génica (*hsp65*; *rpoB*; 16SARNr, etc.) con la subsiguiente comparación en bases de datos. En conclusión, los métodos moleculares de diagnóstico y de tipificación constituyen valiosas herramientas que deben aplicarse complementariamente a los métodos tradicionales y oficiales del Plan Nacional de Control y Erradicación de la Tuberculosis bovina, contribuyendo con la detección rápida y la mejor comprensión de la distribución y diseminación de la enfermedad.

Palabras clave: tuberculosis bovina, *M. bovis*, MNT, diagnóstico molecular, tipificación molecular.

Rol de los animales silvestres como reservorios de virus patógenos

MARÍA SOLEDAD SERENA

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina

solserena2000@yahoo.com.ar

El jabalí es, posiblemente, la especie de la fauna silvestre con mayor relevancia sanitaria para los humanos y los animales domésticos. Ello se debe a su amplia distribución geográfica y su abundancia creciente, pero sobre todo al hecho de tratarse de la especie que le dio origen al cerdo doméstico cuya carne es aprovechada para el consumo humano. El jabalí europeo y una amplia variedad de morfotipos de cerdos domésticos asilvestrados se han naturalizado y se encuentran ampliamente distribuidos en Argentina. Sin importar el origen, existe consenso sobre que en todas las áreas donde se encuentran poblaciones de *Sus scrofa*, ya sea como jabalí o como cerdo asilvestrado, se produce un impacto ambiental negativo, debido a que se afecta tanto la flora y fauna local como la producción agropecuaria. La hibridación entre poblaciones silvestres y cerdos domésticos criados a campo también es común, resultando en un patrón muy complejo de distribución e interrelaciones entre las variedades domésticas, silvestres y formas híbridas. Las poblaciones silvestres de *Sus scrofa* pueden actuar como reservorios de enfermedades infecciosas para los animales domésticos y la fauna autóctona, como así también ser fuente potencial de enfermedades zoonóticas. En los últimos 20 años la producción porcina nacional ha tenido un incremento muy importante, no solo en cantidad de cerdas o unidades productivas sino también en la cantidad de

establecimientos tecnificados existentes. Con el aumento en la cantidad y calidad de los establecimientos de producción porcina en el país, aumentan las exigencias sanitarias y, en este escenario, la vigilancia epidemiológica de las poblaciones silvestres de cerdos adquiere especial relevancia. Muchos son los trabajos que reportan distintos patógenos detectados en cerdos silvestres a nivel mundial y centran a estos animales como reservorio de muchas enfermedades. Durante las últimas décadas, las poblaciones de cerdos silvestres han experimentado un importante aumento en Argentina, frecuentemente superpuestas con la distribución de granjas comerciales, implicando un riesgo para la transmisión de enfermedades. Desde el año 2013, se viene trabajando con las poblaciones de cerdos asilvestrados de la Bahía de Samborombón en relación a un proyecto inicial que fue destacado por el SENASA con el premio denominado Premios SENASA a la Investigación, Transferencia y Comunicación 2014. En este contexto se han capturado y muestreado más de 200 animales; y se han analizado ciertas enfermedades zoonóticas y/o de importancia para la producción porcina. Se estudió la presencia de anticuerpos contra *Brucella* spp., coronavirus respiratorio porcino (PRCV), virus de la estomatitis vesicular (VSV), de la fiebre aftosa (FA), de la gastroenteritis transmisible porcina (TGEV), de la peste porcina clásica (PCC), de la peste porcina africana (PPA), de la enfermedad de Aujeszky (EA), del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRS) y de *Leptospira* spp. Asimismo, se realizaron análisis bacteriológicos para *Mycobacterium* spp. Los resultados ratificaron la ausencia de PRCV, VSV, FA, TGEV, PPC, PPA y PRRS, mientras que un 36 % de los animales presentó anticuerpos contra *Leptospira interrogans* serovar Pomona, un 62,5 % contra el virus de la EA y sólo un bajo porcentaje (1,89 %) contra *Brucella* spp. Posteriormente, en 2018 y 2019, mediante técnicas serológicas y moleculares se realizó la detección de EA,

parvovirus porcino (PPV), circovirus porcino tipo 2 (PCV2), circovirus porcino tipo 3 (PCV3) y *Chlamydia* spp. Todas las muestras (n=53) analizadas por PCR resultaron negativas a EA. Se detectaron 32 animales positivos para PPV, 11 para PCV2, uno para PCV3 y uno para *Chlamydia* spp. Diecinueve animales fueron seropositivos a PRV (títulos entre 1/8 y 1/256). De todos los animales analizados se observaron 9 positivos a EA y PPV, 3 positivos a EA y PCV2; 9 positivos a PPV y PCV2 y el único ejemplar positivo para PCV3 también fue positivo para EA y PPV. La presencia de anticuerpos contra el virus de la EA y la detección genómica de PPV, PCV2, PCV3 y *Chlamydia* spp. evidencian una posible co-infección y circulación de diversos agentes en dicha población. Estos resultados remarcan la importancia del monitoreo de la interfase productiva/silvestre en función de la salud pública, producción animal, como así también la conservación de la biodiversidad.

Palabras clave: *Sus scrofa*, jabalí, cerdo asilvestrado, producción porcina, sanidad, salud pública.

¿Qué debemos saber sobre los animales silvestres vectores y reservorios de bacterias patógenas?

PABLO PLAZA

Grupo de Investigaciones en Biología de la Conservación, Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Medio Ambiente (INIBIOMA), Universidad Nacional del Comahue (UNComa). San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina

plazapablo22@gmail.com

Los ambientes con alto grado de impacto antrópico, como los basureros o explotaciones ganaderas intensivas, albergan diferentes especies de bacterias potencialmente zoonóticas. Dado su hábito de alimentarse en estos sitios, las aves carroñeras obligadas pueden ser colonizadas por estas bacterias y comportarse como reservorios de ellas. En esta disertación se analizará si el hábito de alimentarse en sitios con alto impacto antrópico incrementa la ocurrencia de patógenos potencialmente zoonóticos en aves carroñeras obligadas (buitres y cóndores). Diversas bacterias zoonóticas (*Salmonella* spp., *Campylobacter jejuni*, *Mycobacterium* spp., *Chlamydia psittaci*) colonizan a las aves carroñeras en diferentes partes del mundo. Esto se observa con mayor frecuencia cuando estas aves se alimentan en sitios con un alto grado de impacto antrópico como vertederos de residuos y explotaciones ganaderas intensivas. Los patógenos zoonóticos detectados en estas aves pueden afectar su estado de salud, pero también pueden tener un impacto en la salud de otras especies e incluso en la salud de los seres humanos, en el caso de ser transmitidos. Sin embargo, hasta la fecha no hay evidencia de que las aves carroñeras obligadas jueguen un rol epidemiológico en la transmisión de patógenos zoonóticos al ser humano o a otras

especies. De hecho, la evidencia actual sugiere que estas aves podrían regular su dispersión, eliminándolos al ser ingeridos en su dieta gracias a diversas adaptaciones fisiológicas que poseen (pH ácido en estómago, microbioma intestinal estable, particularidades en el sistema inmune). Es necesario controlar eficazmente los patógenos en los sitios con alto impacto antrópico para evitar el riesgo de infección en especies de fauna silvestre, que podrían verse afectadas y actuar como potenciales dispersoras o reservorios de ellos.

Palabras clave: aves carroñeras, ambientes antrópicos, patógenos, zoonosis.

Importancia de los animales silvestres en la diseminación de las micosis

ROBERTO SUÁREZ ÁLVAREZ

Laboratorio de Colecciones de Cultivos Microbianos, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

robertosuarez01@gmail.com

Existen estrechas relaciones entre distintos patógenos fúngicos y diversas especies de mamíferos hospederos, cuyo equilibrio se mantiene dependiendo del estado inmunológico de estos últimos, así como de la carga fúngica infectiva a la cual estén expuestos. Aquellos hospederos en los que determinado hongo transcurre parte de su ciclo de vida de manera natural, son denominados reservorios fúngicos naturales. Las enfermedades causadas por hongos, son denominadas micosis y muchas de ellas pueden ser dispersadas, transmitidas o contagiadas de animales a humanos o de animales a otros animales. Muchas de ellas pueden ser pasajeras como las micosis superficiales; sin embargo, existen las denominadas micosis sistémicas, las cuales son de importancia médica ya que pueden causar enfermedades severas en hospederos susceptibles e incluso llevarlos a un desenlace fatal. Por su distribución geográfica, estas micosis también son conocidas como micosis endémicas. Las principales micosis endémicas diagnosticadas en Argentina son: histoplasmosis (producida por el hongo dimórfico *Histoplasma capsulatum*), coccidioidomicosis (por *Coccidioides immitis* y *C. posadasii*) y paracoccidioidomicosis (por *Paracoccidioides brasiliensis*). Entre las tres, cubren casi la totalidad del territorio nacional, exceptuando la zona más austral. Generalmente, estos hongos requieren de temperatura, humedad y pH óptimos para poder

realizar el cambio dimórfico de fase infectiva a fase parasitaria y el microambiente que se genera dentro de un mamífero resulta ser un nicho ecológico apropiado para el desarrollo y el crecimiento fúngico. No existe una marcada relación especie-específica entre los diversos hospederos de la fauna silvestre y los hongos mencionados, más bien, están relacionados al hábitat en el que coexisten y a los diversos hábitos de comportamiento de estos animales. De esta manera, por ejemplo, *H. capsulatum*, es frecuentemente aislado de murciélagos y pequeños mamíferos como comadrejas, roedores, hurones, etc., ya que cohabitan cuevas, minas, grutas, alcantarillas y demás lugares naturales y/o artificiales que permiten, dadas sus características físicas y la presencia de algunos oligonutrientes esenciales, el crecimiento y desarrollo de la fase micelial-infectiva del hongo, el cual al ser inhalado provoca una infección que puede tener un curso de moderado a grave y que incluso puede causar la muerte. En el caso de la coccidioidomicosis, el micelio está formado por artroconidios que al ingresar al reservorio natural, generalmente un armadillo, se transforman en esférulas con endosporas y algo similar sucede con la paracoccidioidomicosis, donde los conidios se transforman en levaduras características al ingresar a su reservorio natural, que suele ser un pequeño mamífero como el puercoespín. Lo particular en estas tres interacciones, es que, en los tres casos, el hospedero natural es un animal silvestre que generalmente se desconoce si cursa o no la enfermedad y si muere o no a causa de ella. Lo que sí se conoce es que al morir el reservorio, el hongo retoma la temperatura y condiciones ambientales y revierte a la forma micelial geofílica, la cual se reintegra al ambiente cumpliendo con el concepto de reservorio epidemiológico, ya que estos pequeños mamíferos silvestres tienen diferentes rangos de movilidad y/o migración, dispersando así los hongos en la naturaleza. Este mecanismo de recicle en un hospedero

animal, le confiere características de virulencia y adaptabilidad al hongo haciendo que perdure ante situaciones ambientales hostiles.

Palabras clave: micosis, fauna silvestre, hospedero, reservorio natural.

Control de la salud en el pez cebra (*Danio rerio*) utilizado en investigación

JUAN MARTÍN LABORDE

Laboratorio de Animales de experimentación (LAE), Facultad de Ciencias Veterinarias,
Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

juanmartinlaborde@gmail.com

El conocimiento de las enfermedades comunes del pez cebra (*Danio rerio*) y su impacto en los resultados de las investigaciones en las que se utiliza ha aumentado sustancialmente, y se recomienda que las colonias de peces tengan un programa rutinario de control de la salud. Este programa debe minimizar o eliminar el impacto de las enfermedades infecciosas en los animales y los resultados de la investigación, así como proteger la salud humana. A pesar de la existencia de programas estandarizados de control sanitario en otros países, en Argentina recién se han implementado; sin embargo, aún no hay información sobre el estado sanitario del pez cebra de muchas colonias. Se ha demostrado que varios agentes infectan al pez cebra y podrían alterar la fisiología, inmunidad, genética y comportamiento. Estos agentes pueden ser patógenos primarios o patógenos oportunistas que por estrés, técnicas de manejo deficientes y/o mala calidad del agua pueden causar enfermedades. Las infecciones subclínicas en el pez cebra pueden producir resultados experimentales confusos, una reproducibilidad deficiente y un uso innecesario de mayor número de animales para demostrar significación estadística. Por tanto, es necesario aplicar medidas para mitigar este riesgo y asegurar que los resultados de la investigación realizada estén libres de variables no controladas. Las muestras que se utilizan pueden ser de los animales como también ambientales. Las

pruebas directas en animales de diferentes colonias identifican patógenos con una alta prevalencia, pero pueden pasar por alto patógenos inusuales cuando el tamaño de la muestra no es el adecuado. Las técnicas de diagnóstico disponibles para implementar pueden ser la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), cultivos bacteriológicos y exámenes directos. Una combinación de examen general de los animales, sumado a la realización de PCR, técnicas microbiológicas y estudios histopatológicos contribuyen a obtener un perfil de salud completo de la colonia.

Palabras clave: pez cebra, patógenos, control sanitario.

Nuevos desafíos en los programas de control sanitario de ratones

DANIELE MASSELLI RODRIGUES-DEMOLIN

Centro Multidisciplinar para Investigação Biológica na área da Ciência em Animais de Laboratório (CEMIB), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP). Campinas, São Paulo, Brasil

danimaro@unicamp.br

Rodent health monitoring program implemented in animal facilities is dynamic and has been in continuously progress. Laboratory animals can harbor infectious agents known to impact both animal welfare and biomedical research. The animal model quality associated with microbiology and genetic integrity is of great importance to assure reproducibility and validity of research data. For long years, rodent health monitoring was primarily to identify agents causing illness and death in mouse colonies. Recently, according to FELASA guidelines and due to the development of transgenic technologies increasing the number of genetically modified animals used, new paradigms were introduced. The high susceptibility to infectious agents combined with the impact on biosafety poses a risk when dealing with a range of transgenic and knockout models. These are some of the challenges that currently impact on health monitoring, since essentially it focuses on the exclusion of unwanted pathogens in animal facilities. In addition, is important to point out the advances in animal housing and biocontainment systems. Under these perspectives one of the main challenge is to develop an adequate, efficient and reliable health monitoring program, applicable to all infectious agents, those already described and the emerging ones, also associated to different housing systems. In this aspect, topics will address the detection of murine infectious agents using traditional

and new methodologies such as environmental air dust monitoring, considering the new mutant and transgenic models widely used in scientific researches.

Keywords: health monitoring, infectious agent, genetic modified animals.

Experimentación animal para la evaluación de colonización y patogenicidad de *Salmonella*: modelo animal porcino e invertebrado

MARÍA BELÉN CEVALLOS ALMEIDA

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Central del Ecuador (UCE).
Quito, Ecuador

bcevallos@uce.edu.ec

Salmonella sp. es una bacteria gramnegativa, perteneciente a la familia *Enterobacteriaceae*, y reconocida mundialmente como uno de los patógenos más importantes implicados en enfermedades humanas transmitidas por alimentos. Las infecciones humanas generalmente ocurren a través de una ruta alimentaria y comúnmente resulta en una gastroenteritis autolimitada, aunque hay un porcentaje de casos en donde la infección se vuelve invasiva. Uno de los principales reservorios animales de *Salmonella* es el cerdo, el cual, según varios estudios, tiene un porcentaje de atribución importante en la infección de *Salmonella* en los humanos. A pesar de su estrecha relación genética, las diferencias en la epidemiología y virulencia de diferentes serovares de *Salmonella* provenientes del sector porcino son comunes y dependen del potencial de virulencia del microorganismo y la susceptibilidad del huésped. Para estudiar la epidemiología y las diferencias en colonización de los serovares de *Salmonella* en cerdos, se han realizado diversos estudios longitudinales tanto en cerdos de granja como en cerdos experimentales. Sin embargo, a nivel de cerdos de granjas, hay una gran variación de los resultados entre los lotes y entre los diferentes estudios. En laboratorios de referencia de *Salmonella* se utilizan

cerdos experimentales SPF con condiciones controladas en cuanto a su estatus inmunitario, sanitario, durante un período prolongado de tiempo. Estos animales son mantenidos en locales con infraestructura adecuada, filtración de aire y personal altamente entrenado para este efecto. En cuanto a la evaluación de la virulencia para el humano, de los serovares de *Salmonella*, se han realizado diversas investigaciones en las cuales el modelo murino ha sido el más utilizado, pero existen obstáculos éticos, presupuestarios y logísticos asociados con la utilización de roedores. En los últimos años, se ha estado utilizando el modelo de insecto *Galleria mellonella* (polilla de la cera mayor o polilla del panal) como un modelo hospedador confiable para estudiar la patogénesis de muchos patógenos. Aunque este modelo no reemplaza a los modelos de mamíferos, *G. mellonella* proporciona una alternativa rápida y rentable para recopilar datos iniciales de virulencia bacteriana. Además, a diferencia de muchos otros modelos de invertebrados, incluido *Caenorhabditis elegans*, los análisis se pueden realizar a 37 °C, una temperatura óptima para la gran mayoría de los patógenos humanos.

Palabras clave: *Salmonella*, virulencia, cerdos, *Galleria mellonella*.

DetECCIÓN y caracterización molecular de SARS-CoV-2 en animales

NADIA ANALÍA FUENTEALBA

Laboratorio de Virología (LAVIR), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina

nadiafuatealba@hotmail.com

El síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2), que se originó en Wuhan, China, en 2019, es responsable de la pandemia de COVID-19 (*coronavirus disease 2019*). El SARS-CoV-2 tiene un origen incierto que ha generado muchas controversias; sin embargo, los análisis filogenéticos hacen suponer que se originó a partir de coronavirus de murciélago y aún se desconoce el animal que podría haber actuado como intermediario. La diversidad genética de los coronavirus, debida a la alta frecuencia de mutación y la recombinación homóloga, probablemente esté relacionada con la variedad de hospedadores. Esto hace que los coronavirus sean una preocupación en salud pública por la posibilidad de que se produzcan futuros brotes de enfermedades por «nuevos» coronavirus zoonóticos. Es por esto que resulta de interés poder identificar el papel que cumplen los animales y su posible intervención en la transmisión zoonótica. Se ha planteado la necesidad de realizar el monitoreo y control de esta virosis en animales domésticos y silvestres para determinar el posible rol de los animales como portadores, reservorios y/o amplificadores del virus. Los estudios para comprender mejor la susceptibilidad de diferentes especies animales al SARS-CoV-2 y evaluar la dinámica de la infección en estas especies, así como también la identificación de posibles reservorios y/o transmisores, son una herramienta fundamental para el monitoreo epidemiológico.

Varias especies de animales han demostrado susceptibilidad al virus, tanto a través de la infección experimental, como en entornos naturales al estar en contacto con humanos infectados. Se han reportado detecciones de infección en felinos, caninos, hurones y visones. Los objetivos del plan de trabajo que estamos llevando adelante involucran el diagnóstico y la vigilancia epidemiológica del SARS-CoV-2 en animales que conviven con personas infectadas, y la caracterización molecular, mediante secuenciación genómica, de las muestras positivas obtenidas. Además, se contempla el posterior análisis de las secuencias de SARS-CoV-2 obtenidas en animales de Argentina con los datos de secuencia que se encuentren disponibles en GISAID. Se diseñaron protocolos específicos para el relevamiento epidemiológico y la toma de muestras de animales pertenecientes a pacientes positivos COVID-19. Conjuntamente, se creó un consentimiento informado, aprobado por la Comisión Institucional para el Cuidado y Uso de Animales de Laboratorio (CICUAL) que es firmado por los responsables de los animales y del proyecto, acordando la toma de muestras. Se tomaron muestras de hisopados orofaríngeos y rectales de diferentes animales, tanto domésticos como silvestres. Se realizó la extracción del ARN de las muestras y el diagnóstico molecular por *real-time* RT-PCR adaptando equipos comerciales disponibles. De las muestras analizadas, 26 resultaron reactivas a los genes específicos de SARS-CoV-2, de las cuales 18 corresponden a caninos, 7 a gatos domésticos y una a un puma. Se obtuvo la secuencia genómica completa de SARS-CoV-2 correspondiente a un felino y se realizó el análisis filogenético. Se determinó que el genoma de SARS-CoV-2 del gato pertenecía al linaje B.1.499. Este linaje, inicialmente detectado en marzo de 2020, ha sido reportado en diferentes provincias del país, principalmente en la región del Área Metropolitana de Buenos Aires.

Palabras clave: SARS-CoV-2, COVID-19, animales.

Fauna silvestre como reservorios de coronavirus y su rol epidemiológico

ANA CRISTINA BRATANICH

Catedra de Virología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

abratanich@fvvet.uba.ar

Antes de la pandemia producida por SARS-CoV-2, existieron eventos zoonóticos premonitorios como el surgimiento de SARS-CoV y MERS-CoV, en los que se pudo dimensionar el importante rol de la fauna silvestre en la generación de nuevos coronavirus. Sabemos también que en veterinaria existen múltiples ejemplos en donde coronavirus de una especie recombinan con otros coronavirus de otras especies, como es el caso de la estrecha relación evolutiva entre el coronavirus canino, felino y el de la gastroenteritis transmisible del cerdo y, todos ellos a su vez, derivados de los murciélagos. Características inherentes a la replicación de estos virus junto con un creciente acercamiento entre especies diferentes crean el ambiente adecuado para el potencial surgimiento de variantes con nuevas capacidades infectivas. Por estas razones, el estudio de las infecciones por coronavirus en fauna silvestre ha pasado a ser una prioridad absoluta, incluso por la posibilidad de que puedan ser reservorios del SARS-CoV-2 o virus semejantes. Los estudios *in silico* donde se analiza la relación tridimensional y química entre el dominio de unión del receptor (RBD) de la proteína S del SARS-CoV-2 con su receptor celular, han contribuido a categorizar las especies según su potencial susceptibilidad. Infecciones experimentales han corroborado en algunos casos estas predicciones, pero resulta muy complejo proyectar el éxito o no de una infección solo por el reconocimiento de

los receptores sin considerar otros factores relacionados a la permisibilidad celular. Se discutirán en esta charla el estado de conocimiento de coronavirus en especies de fauna silvestre, su rol en la generación de eventos zoonóticos y los factores virales que facilitan estos fenómenos y que pueden potenciar el surgimiento de nuevos coronavirus. En este contexto, se reportarán los hallazgos de estudios sobre coronavirus de especies silvestres en un *hotspot* en el norte argentino integrado por murciélagos, roedores y camélidos.

Palabras clave: coronavirus, fauna silvestre, zoonosis.

Resistencia a los antimicrobianos en medicina veterinaria

JORGE ERRECALDE

Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria (ANAV). Buenos Aires, Argentina

jerrecal@med.unlp.edu.ar

La resistencia a los antimicrobianos (AMR) definitivamente se convirtió en un problema mundial, pero su origen no es exclusivo del uso de estos en animales de producción. Las advertencias sobre los riesgos de la resistencia a los antimicrobianos se han formulado desde los años cincuenta. Ahora, la situación es extremadamente compleja. No hay nuevos antimicrobianos disponibles para combatir microorganismos multirresistentes. La resistencia a los antimicrobianos existe desde que existen microorganismos. Algunas bacterias producen antibióticos para defenderse de otras, incluso como señales. Es un fenómeno tan viejo como la vida misma. Los antimicrobianos en humanos se utilizan profiláctica y terapéuticamente. Se deben mejorar las prácticas de prescripción, combatir la automedicación educando a los consumidores y reevaluar el uso de antisépticos. El comercio de antimicrobianos debe estar estrictamente regulado. El uso prudente es clave para controlar la resistencia. Los antimicrobianos en las ciencias veterinarias se utilizan en formas diversas. Terapéuticamente, cuando se diagnostica una enfermedad infecciosa, se instituye un tratamiento antimicrobiano. Los tratamientos profilácticos y metafilácticos, más controvertidos, si son correctamente aplicados, son herramientas muy útiles. El uso de antimicrobianos como promotores de crecimiento es un problema crítico. En Argentina ya están siendo controlados y en otros países se

deben implementar las medidas correctas para disminuir su uso, hasta su supresión. Las industrias que producen o utilizan antimicrobianos tienen una gran responsabilidad. Las personas involucradas en la fabricación de productos químicos deben ser protegidas y los efluentes industriales estrictamente controlados. Los hospitales son el nicho ideal para microorganismos multirresistentes y panresistentes. Se debe enfatizar el uso racional, las buenas prácticas, controles de limpieza, antisepsia y esterilidad y el tratamiento de efluentes. En el ámbito agropecuario, las buenas prácticas agrícolas, el uso prudente y zootecnia moderna son factores críticos para la obtención del producto primario de la mejor calidad. Ese producto debe ser procesado con buenas prácticas de manufactura. Finalmente, el consumidor debe manipular los alimentos higiénicamente y los debe cocinar correctamente. Si esta serie de pasos se recorre en forma adecuada, desde la granja a la mesa, se dispondrá de alimentos muy seguros y, de esa manera, también se contribuirá a la mitigación de la resistencia a los antimicrobianos. Los antimicrobianos son y serán pilares de la salud pública y animal. No obstante, su uso inadecuado debe ser contenido. El uso de estos elementos como promotores del crecimiento en explotaciones animales debe ser combatido. Para ello, no bastan reglamentaciones y es necesaria la participación del veterinario que es el profesional idóneo para su prescripción. Se necesita entrenamiento del personal, instalaciones adecuadas, y la implementación de buenas prácticas productivas. Estas últimas incluyen, entre otras cosas, limpieza, antisepsia, programas de vacunación, suplementos dietarios y bioseguridad. Los antimicrobianos no representan un problema, muy por el contrario, han sido un elemento esencial para el desarrollo de la humanidad hasta nuestros días. En la era pre antibiótica, que se extiende casi hasta mediados del siglo XX, las enfermedades infecciosas eran la primera causa de muerte, mucho mayor que todas

las otras enfermedades juntas. ¿Pueden existir dudas de que los antibióticos, antiparasitarios y vacunas fueron, siguen siendo y serán herramientas críticas para el desarrollo de la humanidad?

Palabras clave: antimicrobianos, resistencia, uso racional.

¿Qué hacemos los veterinarios como protagonistas de la resistencia a los antimicrobianos? Legislación

LISANDRO EMILIO RUIZ

Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

lruiz@senasa.gov.ar

La resistencia a los antimicrobianos es un problema que afecta a la población mundial. La OMS es quien crea el concepto de «Una Salud», entendiendo que el problema debía afrontarse de forma conjunta entre los tres sectores involucrados con el uso de los antimicrobianos, estos son la salud humana, la sanidad animal y la medioambiental. Es por ello que la OMS hace partícipe tanto a la OIE como a la FAO para unirse en la lucha contra la resistencia a los antimicrobianos, desde sus lugares de injerencia. En el año 2015, estas tres organizaciones lanzan los Planes de Acción Nacional (PAN) invitando a los países miembro a adoptarlos. Como generalidad, podemos afirmar que la mayoría de los países poseen normativa referente al registro y/o uso de medicamentos de uso veterinario. Pero no todos poseen una normativa específica que aborde el tema de la resistencia a los antimicrobianos, mucho menos con un enfoque más amplio en el que estén contemplados la sanidad animal y la salud humana. Para el caso particular de la Argentina, en el año 2015 se firma una resolución en conjunto entre el Ministerio de Salud y el de Agricultura, Ganadería y Pesca, en la cual se crea la Estrategia Argentina para el Control de la Resistencia a los Antimicrobianos. En ella también se crea una comisión a cargo de generar, evaluar y hacer un seguimiento de las políticas y medidas a adoptar por parte de los correspondientes

ministerios. Esta comisión, denominada Comisión Nacional para el Control de la Resistencia a los Antimicrobianos (CoNaCRA) está integrada por distintos actores. Siguiendo el lineamiento de la resolución bi-ministerial, SENASA crea el Programa de Vigilancia de la Resistencia en Animales de Consumo. Quien coordina dicho programa es la Dirección de Productos Veterinarios, dado que es el área responsable del registro de los antimicrobianos y dictar las normativas referentes a su uso.

Palabras clave: RAM-CONaCRA, legislación, uso racional.

Normas de prescripción y venta de zoterápicos

OSVALDO ANTONIO AMBROSIO RINALDI

Colegio de Veterinarios de la Provincia de Buenos Aires (CVPBA). La Plata, Buenos Aires, Argentina

presidencia@cvpba.org

¿Dónde debemos comprar los medicamentos para nuestros animales? Esta pregunta está vigente ya que a pesar de ser obvia su respuesta, se continúa siempre con la misma duda, como también es recurrente su aclaración, hecho que como institución nos preocupa aún más. Esta problemática y desinformación social obedece a varias causas que trataremos de evidenciar, como así también responsabilizar a los distintos actores que intervienen en el control, comercialización, prescripción y utilización de zoterápicos, a saber: autoridades de fiscalización, laboratorios elaboradores, distribuidores, veterinarios y consumidores. En primer lugar, debemos aclarar que la prescripción y el expendio de zoterápicos a nivel nacional está considerada como una incumbencia de neto alcance del profesional veterinario, como dictaminó el Ministerio de Educación y Justicia de la Nación mediante resolución 1498/88. Esta norma fue luego reemplazada por la resolución del Ministerio de Educación, Ciencia y Tecnología de la Nación 1034/05 donde establece en el Anexo V, referente a las actividades profesionales reservadas al título de veterinario y médico veterinario, Salud animal: 1) Efectuar prescripción terapéutica, 4) Controlar y efectuar la distribución y el expendio de zoterápicos y demás productos de uso en medicina veterinaria. Además, por resolución ex SENASA 978/93 se dispuso que «el expendio o comercialización de productos fármaco veterinarios y/o

drogas o principios activos puros, o toda otra sustancia de origen químico, biológico o biotecnológico, destinados al diagnóstico, prevención o tratamiento de las enfermedades de los animales, deberán expendirse en los locales habilitados e inscriptos para tal fin por la autoridad sanitaria competente y bajo la dirección técnica de un profesional Médico Veterinario». Finalmente, a fin ilustrativo debemos mencionar el Decreto Ley Provincial 9686/81 que regula la actividad profesional veterinaria en la provincia de Buenos Aires que, en su artículo 78, inciso 7 y artículo 83, establece: «será obligatoria la asesoría técnica en establecimientos de venta al por menor de zoterápicos que será ejercida por un profesional veterinario» y se contempla también en el decreto reglamentario 1420/83, artículo 67 de la mencionada ley. También la Ley Provincial 10.526 establece las condiciones edilicias para la habilitación de los establecimientos donde se desarrollen las actividades inherentes a la medicina veterinaria, que deberán contar con la dirección técnica de un profesional veterinario. Aun así, esta legislación fue cuestionada judicialmente por dos laboratorios en la provincia de Buenos Aires en lo referido a la venta libre de productos veterinarios. La institución solicitó ante la Justicia intervenir en calidad de parte ya que la futura sentencia podía afectar el interés de la profesión veterinaria; luego de diversas instancias de apelación y de los sucesivos fallos a favor del Colegio, la demanda llegó a la Corte Suprema de Justicia de la Nación. El 6 de octubre de 2015 la Corte falla y rechaza la demanda, ratificando toda la legislación nacional y provincial vigente. La importancia del fallo es que la prescripción y expendio de zoterápicos en locales habilitados a tal fin bajo la supervisión del Veterinario, los zoterápicos denominados de «venta libre» no tienen el alcance de «libre comercialización». Este fallo consolida el rol de la profesión veterinaria, reafirmando que «el objetivo del cuidado de la salud animal es preservar la salud humana», es decir, «Una Salud». La prescripción y

expendio responsable de los zoterápicos en los animales y prioritariamente en los de producción debe ser realizada por un veterinario ya que su mala utilización impacta directamente en la salud humana, seguridad e inocuidad alimentaria y RAM.

Palabras clave: zoterápico, incumbencia veterinaria, resolución SENASA 978/93, decreto ley provincial 9686/81, fallo Corte Suprema, Una Salud.

Caracterización molecular del virus de la rabia

Sus aplicaciones al diagnóstico y vigilancia epidemiológica en Argentina

DANIEL MARCELO CISTERNA

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán».
Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

dcisterna@anlis.gob.ar

En Argentina, como consecuencia del éxito de los Programas Nacionales de Vacunación y Control, la importancia del perro doméstico como reservorio del virus de la rabia (RABV) se ha reducido sustancialmente. Esta situación, en conjunto con cambios en la demografía humana, alteraciones del medio ambiente y el aumento de prácticas recreativas que incrementan el contacto del hombre con animales salvajes, ha puesto en evidencia la importancia de otras especies de vida silvestre en la transmisión de la rabia. El RABV circula a través de dos ciclos epidemiológicos diferentes: terrestre y aéreo, asociados con diferentes especies dentro de los órdenes *Carnivora* y *Chiroptera*. La caracterización antigénica de RABV utilizando un panel de ocho anticuerpos monoclonales (AcMn), desarrollados por el CDC, es ampliamente utilizada en América Latina para la vigilancia epidemiológica. En Argentina, se encuentran dos variantes terrestres: VAg1 (asociada a perros domésticos) y VAg2, que circula entre cánidos selváticos. En quirópteros, se han identificado VAg3 (*Desmodus rotundus*), VAg4 (*Tadarida brasiliensis*) y VAg6 (*Lasiurus cinereus*). Sin embargo, el panel de AcMn en algunos casos, no puede resolver las variantes sostenidas por distintas especies de murciélagos insectívoros. La secuenciación nucleotídica parcial de la

nucleoproteína viral permite una caracterización adicional identificando linajes o variantes genéticas mantenidas por especies de murciélagos en un ciclo enzoótico independiente. De hecho, en nuestro país hemos identificado seis linajes de RABV que se asocian con especies específicas de murciélagos. Adicionalmente, el análisis filogenético nos ha permitido confirmar la circulación, distribución y dinámica de las variantes antigénicas y moleculares (VAg3 y VAg3a) en murciélagos vampiros en el Norte Argentino. Finalmente, el conocimiento de las variantes moleculares de RABV en Argentina nos permitió realizar un estudio de la aplicabilidad de dos ensayos de RT-PCR en tiempo real dirigidos al gen de la nucleoproteína (LysGTI y LN34). El ensayo LysGTI no pudo detectar tres variantes relacionadas con los murciélagos, mientras que el LN34 amplificó exitosamente todas las muestras evaluadas. En conclusión, la aplicación de herramientas moleculares es de gran utilidad para la identificación de especies reservorios de la rabia, especialmente en murciélagos.

Palabras clave: rabia, murciélagos, variantes.

Situación epidemiológica de rabia en Argentina

Vigilancia y control

NATALIA CASAS

Coordinación de Zoonosis, Ministerio de Salud de la Nación. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

nacasas@msa.gov.ar

La rabia es una enfermedad zoonótica y mortal que causa graves problemas de salud pública en Argentina. En el Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud, entre 2013 y 2020, se notificaron 821 casos de rabia animal. De ellos el 82 % fueron murciélagos insectívoros, 12 % bovinos y equinos, 4 % perros, 1 % gatos y 1 % otros animales silvestres (zorro, coatí). En las regiones noroeste y noreste circula la rabia en perros (variantes del virus V1 y V2 respectivamente), en todo el país circula el virus de la rabia en murciélagos insectívoros (V4, V6 y otras variantes), y en las regiones noroeste, noreste y centro circula el V3 (rabia en murciélagos hematófagos). Los últimos casos de rabia canina V1 ocurrieron en 2018, seis casos en la ciudad de Salvador Mazza, provincia de Salta, en el norte del país, limítrofe con el Estado Plurinacional de Bolivia. En 2020, se registró un caso de rabia canina V2 cercano a la ciudad capital de Formosa, provincia de Formosa. El último caso de rabia humana ocurrió en el año 2008 en San Salvador de Jujuy, provincia de Jujuy. El Ministerio de Salud de la Nación apoya las campañas de vacunación antirrábica de perros y gatos en todo el territorio nacional y principalmente en zonas con circulación de variantes V1 y V2. También distribuye vacuna antirrábica humana y gammaglobulina antirrábica humana y vacuna antirrábica de uso veterinario a todas las jurisdicciones. Se está trabajando en un Plan

Nacional de Eliminación de la Rabia Humana transmitida por el Perro y se tiene como objetivo futuro certificar al país como «libre de rabia humana». Las principales líneas de acción del plan son: 1) Promoción de campañas de vacunación antirrábica masiva en perros y gatos de manera gratuita; 2) Realización de muestreos o censos de poblaciones caninas para establecer las coberturas vacunales; 3) Registro Federal de Vacunación de caninos y felinos (plataforma REDCap); 4) Aumento del envío de muestras de perros sospechosos a los laboratorios; 5) Atención médica y tratamiento antirrábico a las personas expuestas al virus de la rabia que lo requieran; 6) Esterilización masiva y gratuita de perros en las provincias y municipios y 7) Difusión de mensajes sobre la prevención y el control de la rabia a la población. El país cuenta con una Guía de prevención, vigilancia y control de la rabia aprobada por Resolución ministerial 1223/18. A su vez, se siguen los lineamientos en relación a la rabia establecidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS) y la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). La pandemia de COVID-19, ocasionada por el virus SARS-CoV-2, representó un desafío para los sistemas de salud en general, y también para los centros de zoonosis en particular. Desde el Ministerio de Salud de la Nación se estableció que las actividades de vigilancia y control de la rabia son servicios esenciales de salud pública que deben ser sostenidos a pesar de las circunstancias y por lo tanto no deben ser postergados. Para el control de esta enfermedad es fundamental el trabajo multidisciplinario e intersectorial, requiriendo una planificación estratégica bajo el concepto de «Una Salud» (salud humana, salud animal y salud ambiental), que involucre a los sistemas públicos y privados con el empoderamiento de la comunidad.

Palabras clave: rabia, epidemiología, control.

Nuevas opciones terapéuticas para el tratamiento de las virosis sistémicas

MARÍA AMELIA GISBERT

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

gisbertma@hotmail.com

Las enfermedades virales felinas constituyen uno de los principales motivos de consulta en la clínica de los gatos domésticos. Muchas de estas enfermedades se encuentran causadas por agentes que se comportan de forma similar tanto en los gatos como en el hombre. Por tal motivo, se han estudiado ampliamente las coincidencias entre las enfermedades virales de ambas especies y se han evaluado alternativas terapéuticas basadas en dichas coincidencias. Sin embargo, esta estrategia ha demostrado algunas limitantes, como las características fisiológicas y particulares de la especie felina que determinan que muchas drogas sean tóxicas para los gatos a concentraciones terapéuticas, la especificidad de especie de muchos compuestos utilizados, la escasa repetibilidad de resultados obtenidos *in vitro* con respecto a los observados *in vivo* y la existencia de pocos estudios que involucren la evaluación terapéutica de gatos con infecciones virales espontáneas y crónicas, entre otros. Dentro de las enfermedades virales felinas, aquella que ha mostrado a lo largo de los años mayor número de estudios y resultados interesantes y de utilidad práctica, ha sido el virus de la inmunodeficiencia felina (VIF). El VIF es una de las virosis más frecuentes de los gatos domésticos que viven en comunidades o bajo condiciones de semilibertad. Se trata de una enfermedad causada por un retrovirus del género *Lentivirus* que tiene como blanco celular, fundamentalmente, al linfocito T CD4. La

enfermedad provoca en el gato un cuadro de inmunosupresión progresiva que da lugar a la aparición de enfermedades oportunistas de forma similar a lo que ocurre con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Se ha estudiado la eficacia de diferentes protocolos de drogas antivirales a lo largo de los años tanto en Argentina como en otros países. La presente exposición muestra los resultados obtenidos por las diferentes combinaciones de ellos sobre gatos domésticos con infección espontánea y de curso crónico. Además, se hace referencia a las experiencias reportadas por autores internacionales destacados en el tema. La experiencia en el tratamiento antiviral de los gatos infectados con VIF es ampliamente satisfactoria ya que ha demostrado que la combinación de drogas antivirales es eficaz en la reducción de la carga viral; los pacientes en tratamiento antiviral muestran una evolución clínica favorable y, en algunos casos, la reversión de signos originados por la enfermedad por períodos de tiempo en que se mantiene la terapia. Esto se traduce en el aumento de la sobrevida y la calidad de vida de los gatos infectados con VIF.

Palabras clave: terapia antiviral, gatos, VIF.

Antibióticos vs. bacterias en veterinaria

GABRIELA ALEJANDRA ALBARELLOS

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

albarell@fvet.uba.ar

Toda situación que implique el uso de antibióticos (ATB) conlleva el riesgo de selección de bacterias resistentes a ellos y, posiblemente, a otros grupos de ATB distintos. La resistencia es un mecanismo inherente a la supervivencia y evolución bacteriana y el *pool* genético bacteriano es compartido por los microorganismos del ambiente, de los animales y del hombre. Bajo estas condiciones la resistencia bacteriana a ATB podría transferirse entre estos distintos niveles. Siendo los ATB necesarios para el tratamiento de infecciones, el desafío actual es ¿cómo utilizarlos para que no pierdan su utilidad como herramientas terapéuticas? El aporte que puede hacer la farmacología radica en los análisis que relacionan los aspectos que evalúan la eficacia antimicrobiana (farmacodinamia de los ATB o PD) con los aspectos que determinan la llegada del ATB al sitio de la infección en concentraciones adecuadas y por el tiempo suficiente (farmacocinética de los ATB o PK). Del análisis de las relaciones PK/PD surgen distintos indicadores que se emplean en terapéutica para optimizar los tratamientos ATB. Estos indicadores son:

- C_{max}/CIM : empleado para ATB cuya eficacia es «concentración-dependiente» y que tienen un «efecto posantibiótico» (PAE) prolongado (aminoglucósidos, fluoroquinolonas).
- AUC/CIM : para ATB de eficacia «concentración-dependiente» con PAE prolongado (aminoglucósidos y fluoroquinolonas) y para ATB de eficacia «concentración-independiente» y PAE prolongado (glicopéptidos, tetraciclinas, azitromicina).

- $T > C_{IM}$: para ATB de eficacia «tiempo-dependiente» con nulo o mínimo PAE (betalactámicos, macrólidos).

Según el ATB, los índices deberían tomar los siguientes valores:

- Aminoglucósidos (gentamicina, amikacina): $C_{max}/C_{IM} \geq 10-12$. Administrados en una sola dosis diaria.
- Fluoroquinolonas (enrofloxacin, marbofloxacin, levofloxacin): $ABC_{(0-24)}/C_{IM} \geq 25-30$ para infecciones no graves y por cocos grampositivos; y $ABC_{(0-24)}/C_{IM} \geq 125$ para infecciones graves, en pacientes inmunocomprometidos o causadas por bacilos gramnegativos (administrados en una sola dosis diaria).
- Betalactámicos, grupo de penicilinas (penicilina, ampicilina, amoxicilina): $T > C_{IM} > 50\%$ del intervalo posológico (administradas cada 6-8-12 h según la vida media de cada ATB).
- Betalactámicos, grupo cefalosporinas (cefalexina, ceftazidima, cefotaxima, etc.): $T > C_{IM} > 60-70\%$ del intervalo posológico (administradas cada 8-12 h según su vida media).
- Betalactámicos, grupo carbapenemos (imipenem, meropenem): $T > C_{IM} > 30-40\%$ del intervalo posológico (administrados cada 6-8-12 h según su vida media).
- Macrólidos (eritromicina): $T > C_{IM} > 40\%$ del intervalo posológico (administrados cada 8-12 h).
- Glucopéptidos (vancomicina, teicoplanina): $ABC_{(0-24)}/C_{IM} \geq 400$ (administrados cada 8-12 o 24 h según su vida media).
- Doxiciclina: $ABC_{(0-24)}/C_{IM} \geq 15-25$ (administrada cada 12 h o cada 24 h (dosis total diaria)).
- Azitromicina: $ABC_{(0-24)}/C_{IM} \geq 25$ (administración diaria).

Para los ATB «tiempo-dependiente» como los betalactámicos es deseable que las concentraciones plasmáticas se mantengan por

encima de la CIM el mayor tiempo posible (lo ideal sería administrarlos por infusión intravenosa continua). Para formulaciones de depósito (penicilina, amoxicilina), o en los de vida media muy prolongada (cefovecin), la frecuencia de administración dependerá de la CIM del microorganismo, de la concentración del ATB en plasma y de su duración (vida media). Así, el cefovecin se administra cada 14 días y la amoxicilina de liberación sostenida puede administrarse cada 48 horas para infecciones por estreptococos o *Pasteurella*. Los valores de CIM a considerar deberían ser los del microorganismo causante de la infección en el paciente. Como eso rara vez es posible, se consideran valores de CIM epidemiológicos según la susceptibilidad de los aislamientos bacterianos locales. Si no se tiene esa información, se utilizan los valores de CIM indicados por las normas internacionales para la realización de las pruebas de sensibilidad a ATB en animales (CLSI-VAST) o en humanos (CLSI, EUCAST).

Palabras clave: antibióticos, farmacocinética/farmacodinamia, PK/PD.

Utilidad de los nuevos antifúngicos para el control de micosis

MIGUEL ÁNGEL SCARPA

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mvscarpa@gmail.com

El tratamiento de las infecciones fúngicas constituye un desafío en medicina veterinaria. En parte, por las dificultades en el correcto diagnóstico temprano de las micosis, la escasa disponibilidad de antifúngicos licenciados para uso en animales, y además por los costos elevados. El espectro de antifúngicos disponibles para uso clínico se limita a cuatro grupos: polienos, azoles y antimetabolitos, con alcance para el tratamiento de infecciones fúngicas sistémicas o bien localizadas, y las equinocandinas, reservadas para infecciones sistémicas. En el grupo de los azoles, el Itraconazol tiene importancia porque en veterinaria su alcance incluye tanto infecciones sistémicas (criptococosis, esporotricosis, histoplasmosis, coccidioidomicosis) como micosis superficiales (dermatofitosis, dermatomicosis). En esta presentación vamos a focalizarnos en el uso de antifúngicos para el tratamiento de las micosis superficiales, por ser las patologías más frecuentes en la práctica diaria, ser contagiosas y con potencial zoonótico. Se aplican tratamientos tópicos y sistémicos. Los tópicos cumplen tres funciones básicas: remoción mecánica de material infeccioso de la superficie de la piel y pelaje, inactivación o destrucción de ese material para el control de la enfermedad y, en protocolos combinados con fármacos sistémicos, disminución de los tiempos terapéuticos y por ende de la posible generación de resistencia. Se aplican en forma de baños, enjuagues, rocíos y topicaciones. La cal

azufrada, sin duda, es uno de los primeros productos utilizados para el manejo tópico, al igual que el enilconazol teniendo vigencia por su eficacia e inocuidad, a lo que se le suma, por caracteres similares, los champús que asocian miconazol 2 %/clorhexidina 2 %. Productos a base de peróxido de hidrogeno, climbazol y terbinafina son prometedores, pero aún faltan estudios en vivo que avalen su eficacia. En lesiones localizadas podría utilizarse clotrimazol, miconazol y enilconazol, pero no es lo aconsejable como terapia única porque suelen diseminarse. Los tratamientos sistémicos orales controlan la proliferación de la infección y se dirigen a los lugares activos. Es de vital importancia, salvo por limitaciones de edad del paciente o patologías severas subyacentes, su uso en dermatofitosis generalizadas o multifocales o en presentaciones atípicas nodulares. Los primeros fármacos antimicóticos utilizados fueron la griseofulvina micronizada a dosis de 50 mg/kg/día con buena respuesta, pero potencialmente proclives a generar efectos colaterales como mielotoxicidad idiosincrática, intolerancia gastroentérica y hepatotoxicidad. El ketoconazol a dosis de 10 mg/kg/día también fue y es muy utilizado en la actualidad, pero no solo está demostrada su menor eficacia sino la generación de efectos colaterales gastroentéricos y hepatotóxicos mucho más severos en felinos por lo cual se desaconseja su uso (está prohibido en muchos países). El itraconazol es el fármaco de primera elección a dosis de 10 mg/kg/día en perros y 5 a 10 mg/kg/día en felinos; dentro de sus bondades se destacan su afinidad por la queratina y tejidos lipofílicos, buena tolerancia gastroentérica, menor hepatotoxicidad, alta eficacia y poder residual que permite acotar los tiempos terapéuticos e incluso establecer tratamientos a semanas alternas. La terbinafina utilizada a dosis bajas de 10 a 20 mg/kg/día o altas 30 a 40 mg/kg es un antimicótico muy efectivo en caninos y felinos. Tiene alto potencial

lipofílico y queratinofílico, es bien tolerado y con escasos efectos colaterales.

Palabras claves: dermatofitos, fármacos, protocolos.

Manejo y custodia de virus patógenos

LAURA RIERA

Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas «Dr. Julio I. Maiztegui» (INEVH),
Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA).
Pergamino, Buenos Aires, Argentina

lriera@anlis.gob.ar

La evaluación de riesgo es la herramienta de gestión de elección para determinar si resulta necesario aplicar «medidas de control reforzadas», tal como se describen en el Manual de Bioseguridad de la OMS (2020). Estas son un conjunto de medidas de control de riesgos que puede ser necesario aplicar en una instalación de laboratorio porque el resultado de la evaluación indica que los agentes biológicos manejados y/o las actividades a realizar con ellos están asociados con un riesgo que no se puede reducir por debajo de un riesgo aceptable, con los requisitos básicos únicamente. Se puede mencionar el caso de manejar agentes patógenos o virus aún no caracterizados cuyo potencial patógeno es desconocido, o para llevar a cabo prácticas de riesgo, como el manejo de altas concentraciones virales. Todas las actividades que se llevan a cabo en este tipo de instalaciones, tanto como actividades específicas de sostén, deben ser documentadas mediante los correspondientes Procedimientos Operativos Estándares. Estos procedimientos deben estar normatizados o provenir de bibliografía científica. Un aspecto fundamental, tanto en el manejo de agentes patógenos como en la gestión de la biocustodia, es contar con la validación de todos los procesos que se llevan a cabo. Se entiende por validación a la confirmación sistemática y documentada de que los requisitos especificados son adecuados para garantizar el resultado o los resultados previstos. Por ejemplo, para probar que un material está descontaminado, el personal del

laboratorio debe validar la robustez del método de descontaminación mediante la medición del remanente de agentes biológicos contra el límite de detección mediante indicadores químicos, físicos o biológicos. Los procesos que no han sido validados no aseguran la minimización de los riesgos para los trabajadores y el medio ambiente. Si bien existen guías internacionales donde se describen brevemente procedimientos a llevar a cabo en los laboratorios de bioseguridad para evitar la diseminación indeseable de agentes infecciosos, muchos de los procedimientos y/o procesos que se nombran en estas guías se deben diseñar y validar con las particularidades de cada laboratorio. Los procesos que deben validarse comprenden tanto los procedimientos de bioseguridad implementados como el funcionamiento de instalaciones y servicios críticos, entre otros: descontaminación, limpieza, estanqueidad del laboratorio. Los procesos de descontaminación son críticos y se consideran prioritarios en el diseño de un Plan de Validación en un laboratorio de alta seguridad que maneje agentes patógenos. Los residuos, ya sean líquidos (planta de tratamiento de efluentes) o sólidos (autoclave de frontera), deben ser descartados en condiciones seguras. Para tal fin, se propone estudiar y validar los ciclos de descontaminación por método físico (autoclave a vapor y planta de efluentes líquidos) y la efectividad de los procesos de limpieza de superficies. Para ello, se debe poner énfasis en desarrollar e investigar los parámetros necesarios para eliminar la carga microbiana posterior a actividades cotidianas dentro de laboratorios de contención. En función de los resultados de estudios previos a los ensayos de validación, se ajustan los parámetros y se implementarán las medidas correctivas necesarias que minimicen el riesgo de exposición a agentes infecciosos. La adopción de buenas prácticas de laboratorio en el manejo y custodia de virus de importancia sanitaria, en combinación con el uso de tecnología innovadora en materiales y equipos, contribuyen a la

generación de condiciones de seguridad tanto en las operaciones que se llevan cabo como en la generación de biobancos que contengan muestras de alta calidad asociadas con información confiable y bien caracterizada. Por otra parte, los laboratorios deben determinar estrategias apropiadas de gestión de desechos basadas en los resultados de la evaluación de riesgos y que sean aplicables a las necesidades y condiciones locales.

Palabras clave: virus patógenos, bioseguridad, descontaminación, validación.

Importancia de la bioseguridad y la biocustodia en Bacteriología

LEONORA NUSBLAT

Unidad Operativa Centro de Contención Biológica (UOCCB)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

lnusblat@anlis.gob.ar

Toda actividad que involucre la exposición a un peligro biológico incluye en sí misma un potencial riesgo biológico. Esta consideración debe tenerse en cuenta en cualquier entorno de trabajo. Esto incluye, por ejemplo, en el terreno de las Ciencias Veterinarias, no sólo a las actividades que se desarrollan en un laboratorio de investigación, desarrollo, producción o diagnóstico, sino a aquellas actividades que se llevan adelante fuera de este. En presencia del riesgo biológico deberán aplicarse, siempre, medidas de control destinadas a disminuir la probabilidad de ocurrencia de un evento y las consecuencias que de este se desprendan e impacten al trabajador, su entorno y la comunidad, aun cuando los riesgos asociados a estas sean mínimos. Estas medidas de control, en sus distintas jerarquías, son en sí mismas tanto la base como la parte integral de la Bioseguridad y la Biocustodia o Bioprotección en el ámbito del laboratorio o fuera de éste. Además de los marcos regulatorios que puedan o no existir a nivel local o regional, existen estándares internacionales que incluyen las medidas de control y que reflejan las mejores prácticas, que son necesarias para trabajar de manera segura con agentes biológicos siguiendo las disciplinas de la Bioseguridad y la Biocustodia o Bioprotección. En ese sentido, tanto la Organización Mundial de la Salud (OMS), como la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) cuentan con manuales específicos que pueden considerarse como

guías para la identificación, selección e implementación de las medidas de control del riesgo biológico a nivel mundial en forma armónica y transversal a todas las áreas. Sin embargo, independientemente de la existencia de estas guías, debe fomentarse la formación en el proceso del análisis de riesgo biológico de quienes interactúan con fuentes con peligro biológico asociado (animales o material biológico procedente de estos) para que, de esa manera, puedan adecuarse las medidas de control, producto de una evaluación de riesgos, a cada escenario en forma específica y continua. El proceso de evaluación de riesgos, como parte integral del proceso de análisis de riesgos, debe realizarse en forma multidisciplinaria. El producto de dicho proceso debe adecuarse a cada realidad, lo que no sólo incluye la existencia o no de recursos, tanto humanos como materiales, sino a la presencia de aquellos que respalden y se comprometan en la aplicación permanente de las medidas de control: las máximas autoridades de una organización y sus partes. Una guía internacional vigente, que puede servir hoy de modelo, es la Norma ISO 35001:2019 de Gestión del Riesgo Biológico en los Laboratorios y Organizaciones Relacionadas. Una forma dinámica, efectiva y robusta de llevar adelante el análisis de riesgo es aplicar métodos cualitativos o semicuantitativos que puedan ser repetibles y reproducibles en el tiempo, de modo de poder justificar, en consecuencia, las decisiones que se tomen para aplicar finalmente las medidas de control *di novo* o para controlar las preexistentes. El proceso de análisis del riesgo biológico puede aplicarse en cualquier entorno, incluyendo el veterinario y, estando sistematizado, constituye una herramienta muy eficaz para poder evaluar el nivel de riesgo al que uno puede verse enfrentado, cualquiera sea la fuente del peligro biológico o el tipo de microorganismo asociado a ese peligro. En todo el proceso de evaluación de riesgo y en la aplicación de las medidas de control del nivel del riesgo biológico deberán considerarse siempre las

interacciones entre la salud humana y animal y las enfermedades zoonóticas.

Palabras clave: bioseguridad, biocustodia, análisis del riesgo, ISO 35001:2019, enfermedades zoonóticas, bacteriología.

Implementación de medidas de bioseguridad y biocustodia en el laboratorio de micología

BELÉN IBARRA CAMOU

Instituto Nacional de Epidemiología «Dr. Juan H. Jara», ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán»;
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata
(UNMDP). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina

bibarracamou@anlis.gob.ar

La bioseguridad y bioprotección son temas de fundamental importancia en el ejercicio de la profesión veterinaria. El objetivo principal es minimizar y eliminar el riesgo de infección de los trabajadores por microorganismos potencialmente patógenos, mediante procedimientos y precauciones en las prácticas que se realizan, haciendo hincapié en la higiene, limpieza y desinfección, con especial atención al lavado de manos, uso adecuado de guantes, ropa protectora y demás elementos de protección personal, limpieza del material y gestión adecuada de residuos tanto químicos/farmacológicos como biológicos. Teniendo en cuenta la alta incidencia de enfermedades zoonóticas en médicos veterinarios, y existiendo en muchos casos una correlación con sus actividades profesionales, debemos prestar especial atención a las buenas prácticas de laboratorio, al manejo y custodia de los microorganismos, así como también a los procesos de obtención de las muestras biológicas a partir de los animales involucrados. La realización de los análisis microbiológicos comprende desde la obtención del material clínico o muestra biológica hasta su correcto desecho, incluyendo procesamiento, observación microscópica, siembra en los medios de cultivo, e identificación del microorganismo. Al momento de la toma

de muestras debemos utilizar las prácticas correctas, medidas de protección individuales o colectivas necesarias, y realizar su envío de acuerdo a la legislación vigente incluyendo una correcta categorización, envasado, etiquetado y documentación que acompañe al envío. No debemos perder nunca de vista que una muestra biológica es posible portadora de microorganismos en algunos casos conocidos y otras veces no, y que esos microorganismos pueden tener capacidad infectiva por diferentes periodos de tiempo. Debemos considerar la bioseguridad como un aspecto integrador para realizar correctamente las prácticas diarias bajo normas o estándares nacionales/internacionales y de calidad, que nos permitan obtener un resultado correcto, confiable y sin impacto sobre la salud humana, animal ni sobre el ambiente.

Palabras clave: bioseguridad, enfermedades zoonóticas, buenas prácticas, micología.

Resistencia a los antimicrobianos en ambiente y fauna silvestre

Mecanismos de resistencia y líneas genéticas emergentes e implicancias en salud humana

CARMEN TORRES

Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad de La Rioja (UNIRioja). Logroño, España

carmen.torres@uniroja.es

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) supone una gran amenaza a la salud pública que debe ser abordada desde una perspectiva global, lo que se denomina una perspectiva *One Health*, que implica el ecosistema humano, animal y ambiental. En esta ponencia se abordará la importancia del ambiente y la fauna silvestre en la emergencia, acumulación y diseminación de genes de resistencia a antimicrobianos (GRAM) o de bacterias multirresistentes (BMR), que sean especialmente relevantes en salud humana y animal. Para ello se analizará la evolución de BMR portadoras de mecanismos de resistencia de gran importancia en salud pública, en ecosistemas muy diversos: aves (migratorias, rapaces), mamíferos, aguas (residuales o superficiales), o aire en entornos ganaderos. En esta línea, se aportarán datos obtenidos por el grupo de investigación de la Universidad de La Rioja «Resistencia a los antibióticos desde la perspectiva *One Health*» (One Health-UR), enfocado a los siguientes microorganismos: **1)** *Staphylococcus aureus* con resistencia a meticilina (SARM): se analizará la evolución de las cepas con mecanismo tanto *mecA* como *mecC* y también la relevancia de la resistencia a linezolid. Se aportarán datos respecto a la diversidad de líneas genéticas asociadas a las cepas SARM y, muy especialmente, a aquellas que se encuentran en la interfase animal-hombre, como es el

caso de SARM-CC398 o de SARM-CC130, asociadas al mecanismo *mecC*, y que han sido detectadas en numerosos animales silvestres (buitre negro, cigüeñas, ciervos, ratón de campo o conejo silvestre, entre otros) o en muestras acuáticas. Se aportarán datos sobre el genoma de estos microorganismos y sobre las características fenotípicas y genotípicas que pueden ayudar a su identificación. Se analizarán los factores que pueden contribuir a la diseminación de las variantes SARM en fauna silvestre y muestras ambientales y su impacto en salud pública. **2)** *Escherichia coli* portador de genes de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE), muy especialmente las de clase CTX-M y SHV, beta-lactamasas de plasmídicas de tipo AmpC (muy especialmente las de tipo CMY-2) o carbapenemasas (muy especialmente las de tipo KPC). Se analizarán las variantes de estas beta-lactamasas que circulan en fauna silvestre y medio ambiente, los clones bacterianos que las portan y el impacto que pueden tener en la evolución de dichos mecanismos de resistencia en el ámbito clínico. A través de esta ponencia se observará cómo la fauna silvestre y el medioambiente es un espejo en el que podemos ver reflejado todo lo que estamos observando en el ámbito clínico y, por tanto, el ecosistema natural debe estar contemplado en todas las estrategias de vigilancia y control de la resistencia a los antimicrobianos. En definitiva, la perspectiva *One Health* es un abordaje imprescindible en la lucha contra la resistencia a los antimicrobianos que requiere la participación de equipos de trabajo multidisciplinar, con una visión global.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, líneas genéticas emergentes, fauna silvestre.

Leptospirosis, metodologías diagnósticas

Rol de los animales silvestres

BIBIANA FELICITAS BRIHUEGA

Instituto de Patobiología (IPVET), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).
Castelar, Buenos Aires, Argentina

brihuega.bibiana@inta.gob.ar

Las infecciones adquiridas por el hombre a través de los animales son conocidas como zoonosis y constituyen un riesgo importante para la salud pública; muchas de ellas son enfermedades emergentes. La leptospirosis es una enfermedad de distribución mundial que se puede controlar, pero no erradicar. Las técnicas diagnósticas directas e indirectas son herramientas que permiten detectar y tratar la enfermedad. Las técnicas serológicas son de utilidad para dar a conocer escenarios; la microaglutinación es la técnica referencial y, en nuestro país, son ocho serovariedades las que se testean de rutina en las especies de producción. La técnica ELISA es otra herramienta para hacer un *screening*, pero no nos permitirá interpretar el movimiento de anticuerpos. Respecto de las técnicas que detectan la bacteria (aislamiento) o su ADN (PCR) son técnicas que confirman el diagnóstico. Para lograr el aislamiento se necesitan medios de cultivo especiales, personal entrenado y los resultados demoran, pero es lo más importante: tener el agente, estudiarlo y el día de mañana preparar inmunógenos. Hay numerosas PCR con el objetivo de detectar leptospirosis, leptospirosis patógenas, leptospirosis intermedias o alguna serovariedad específica. La técnica de inmunofluorescencia directa es una herramienta de utilidad. La leptospirosis afecta a animales de producción, de compañía, silvestres y humanos. Las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes tienen dos implicaciones biológicas de importancia; en primer lugar, muchas

especies de vida silvestre son reservorios de patógenos que amenazan la salud de los animales domésticos y de las personas. Diferentes investigaciones han descrito la importancia de los animales silvestres como componentes vitales en el ciclo epidemiológico de enfermedad. Se ha estimado que el 60 % de los patógenos emergentes que producen enfermedades infecciosas, más del 70 % tienen origen en la fauna silvestre. Los animales silvestres pueden ser portadores facultativos o, propiamente dicho, ambos constituyen una fuente importante de difusores de las zoonosis y son importantes reservorios de la leptospira, bacteria que se acantona en el riñón, en los túbulos contorneados proximales. Todos los animales silvestres son capaces de eliminar leptospiras a través de la orina, pero los roedores son los más importantes transmisores, dado que eliminan esta bacteria durante toda la vida. Se han aislado leptospiras en numerosos animales salvajes: comadrejas, peludos, zorros, zorrinos, guanacos, coypos, nutrias, cuises, liebres, ballenas, ardillas vientre rojo, y en numerosos roedores, *Rattus norvegicus*, *Rattus rattus* y *Mus musculus*. Además, se han realizado estudios serológicos en ciervos colorados, ciervos de los pantanos, caimanes, boas, sapos, focas, lobos marinos, maras patagónicas, camélidos sudamericanos, felinos salvajes, nutrias, carpinchos, chinchillas, jabalíes, roedores, encontrando altos porcentajes de seropositivos. Por lo que podemos decir que los animales silvestres tienen un rol muy importante en el mantenimiento y transmisión de la leptospirosis. Las investigaciones sugieren que las epidemias en la fauna silvestre son un problema de importancia creciente y de respuesta urgente. La aparición de las zoonosis de vida silvestre está asociada con una serie de factores causales, los cuales se describen, en la mayor parte de ellos, como el resultado de actividades humanas, como el incremento de la densidad demográfica, viajes y el comercio de fauna silvestre, cambios en los patrones del uso del suelo, mayor contacto entre los seres

humanos; y determinantes naturales, ambiente, clima y aumento de precipitaciones.

Palabras clave: leptospirosis, silvestres, zoonosis, diagnóstico.

Leptospirosis bovina como zoonosis: importancia de la vacunación del ganado

ARIEL ALEJANDRO KOVAL

Biogénesis Bagó. Garín, Buenos Aires, Argentina

ariel.koval@biogenesibago.com

La leptospirosis bovina es una enfermedad conocida por médicos veterinarios y productores ganaderos por ser responsable de tormentas de abortos y de mortalidad en animales jóvenes. Como parte de la profilaxis se aplican vacunas «reproductivas» que contienen serovares de leptospira, virus y otras bacterias en su composición y también vacunas específicas compuestas exclusivamente por diferentes serovares de leptospira inactivados. Argentina, a través del SENASA, controla la potencia y calidad de las vacunas que se comercializan mediante un modelo de vacunación y desafío en hámsteres, prueba reconocida internacionalmente que garantiza su efectividad para ser aplicadas al ganado. Históricamente, el serovar predominante en bovinos es Pomona, causante de brotes graves de leptospirosis en esta especie, con algunos aislamientos esporádicos del serovar Canicola y, recientemente, del serovar Hardjo bovis. Un trabajo publicado por TARABLA y col. en el 2016, respecto del conocimiento sobre las enfermedades zoonóticas por parte de tamberos de Santa Fe, mostró que los operarios encuestados conocían en su mayoría enfermedades como la tuberculosis y la brucelosis, pero no consideraban a la leptospirosis como tal. Desde su reconocimiento, la leptospirosis se identificó como enfermedad ocupacional. En diferentes ecosistemas rurales y urbanos se identificaron poblaciones de riesgo como soldados, mineros,

cosechadores de caña de azúcar o arroz y personas que trabajaban en estrecho contacto con animales de granja, en particular cerdos y bovinos. El factor común es el trabajo en ambientes húmedos expuestos al contacto directo o indirecto con la orina de aquellos animales que son portadores. En nuestro medio rural quienes conocen la enfermedad y utilizan vacunas lo hacen pensando en prevenir las pérdidas económicas (abortos y muertes), es decir, haciendo foco en la producción. Indirectamente, y muchos no tienen real conciencia de ello, están protegiendo al personal que trabaja cotidianamente con los animales. Por supuesto, los niveles de riesgo son muy diferentes. No es lo mismo para un peón rural de un rodeo de cría extensiva que para un trabajador de un tambo. Este último tiene mayor exposición sobre todo por los aerosoles de orina con cada ordeño en la fosa del tambo. KOVAL y col., en el 2017 y en el 2019, describieron dos casos de leptospirosis bovina en tambos, con diagnóstico confirmado por aislamiento y tipificación de la bacteria (serovar Pomona), y se observó enfermedad en humanos. Ambos rodeos no vacunaban y presentaban factores de riesgo adicionales como un criadero de cerdos y potreros inundados. Pero en todos los tambos hay barro, alimento que atrae roedores, perros y otros animales que pueden ser reservorios de la bacteria. En los casos citados de las infecciones humanas (cuatro personas afectadas) fueron graves, requiriendo internación y con recuperación de los pacientes. Desde la incorporación de un aislamiento local del serovar Pomona en las vacunas en el año 2006, no se ha recuperado este serovar en rodeos vacunados. Todos los brotes confirmados fueron en rodeos no vacunados. Dado que es una enfermedad en general subdiagnosticada, se considera importante destacar que los brotes descriptos se produjeron en rodeos no vacunados. En países como Nueva Zelanda, donde la lechería es un pilar de la economía nacional, se identificó la leptospirosis como una de las principales

enfermedades de los trabajadores de los tambos. La vacunación sistemática del ganado desde hace aproximadamente veinte años permitió reducir los casos humanos de leptospirosis de veinticinco a dos cada 100 mil habitantes/año. Por las características propias de la enfermedad, la vacunación de los animales es una herramienta probada para disminuir el riesgo de transmisión al humano que trabaja en estrecho contacto con ellos. Por lo tanto, debería considerarse la vacunación obligatoria en aquellas explotaciones como los tambos, donde el personal está cotidianamente expuesto a aerosoles de orina u otros elementos contaminados con orina provenientes de animales potencialmente portadores.

Palabras clave: leptospirosis, bovinos, diagnóstico, vacunación.

Epidemiología de la leptospirosis canina

EXEQUIEL ALEJANDRO SCIALFA

División Zoonosis Rurales, Ministerio de Salud de la provincia de Buenos Aires. Azul,
Buenos Aires, Argentina

escialfa@yahoo.com.ar

Los caninos son considerados reservorios primarios de *Leptospira interrogans* serovar Canicola. Si bien diferentes serovares han sido asociados serológicamente con la enfermedad clínica, Castellonis, Canicola y Copenhageni son los más reactivos en el test de microaglutinación (MAT). Los animales infectados, independientemente de si presentan manifestaciones clínicas de la enfermedad, a partir de la primera semana post-infección dispersan leptospirosis mediante la orina, contaminando el ambiente por extensos períodos de tiempo. En el interior de la provincia de Buenos Aires, el área periurbana ha demostrado poseer un alto riesgo de infección para los caninos (tasa de infección del 75 %), respecto al área urbana y rural; tal vez, asociado a la diversidad de reservorios que se encuentran en estos ambientes (caninos, bovinos, porcinos, roedores sinantrópicos y animales silvestres como las comadreja). Los refugios caninos, debido al hacinamiento, la proliferación de roedores, la inexistencia de cuarentena o controles serológicos a los animales que ingresan, son considerados un área de elevado riesgo, con tasas de infección que varían entre el 11,5 % y el 80,4 %. La leptospirosis canina generalmente prevalece en los animales machos, probablemente asociada al hábito de orinar para marcar territorio. Si bien la enfermedad puede manifestarse clínicamente e incluso ser fatal para los caninos, la forma subclínica o asintomática es la más frecuente. Estudios en el interior de la provincia de Buenos Aires han revelado el curso de la enfermedad aguda en el 12,5-55,6 %, 24-44 % y el 4 %, en

caninos asintomáticos residentes en refugios, áreas periurbanas y rurales, respectivamente. La lesión primaria comienza con el daño en el endotelio de pequeños vasos o capilares sanguíneos, provocando isquemia localizada y alteraciones en diferentes órganos, como la necrosis tubular en los riñones, daño hepatocelular y pulmonar y miositis. En la práctica, los caninos que desarrollan signos clínicos de una enfermedad renal aguda e ictericia, deben ser considerados como sospechosos de leptospirosis hasta la obtención del resultado de laboratorio específico, principalmente si se trata de animales no vacunados y con alto riesgo de exposición. Por tratarse de una zoonosis, ante la sospecha de la enfermedad en los caninos, deberán indicarse las medidas de prevención a las personas que tienen contacto estrecho con el animal o su ambiente. Para arribar al diagnóstico de la enfermedad deberán tenerse en cuenta los aspectos clínicos, planes sanitarios, tratamientos previos y los aspectos epidemiológicos. Los signos clínicos observados con mayor frecuencia son depresión, vómitos, anorexia, polidipsia-poliuria, diarrea y secreción nasal bilateral. El examen clínico podrá revelar la presencia de deshidratación, fiebre, hiperemia conjuntival episcleral, conjuntivitis muco-purulenta, ictericia, uveítis, neumonía intersticial, glositis necrótica, hepatomegalia-hepatodinia, o pérdida de peso. Los exámenes complementarios como el hemograma y el uroanálisis deberán tenerse en cuenta. El diagnóstico de laboratorio específico se basa en métodos bacteriológicos (cultivo en medios específicos), serológicos (ELISA-MAT) y moleculares (PCR). En la primera semana de evolución de la enfermedad se recomienda enviar al laboratorio una muestra de sangre entera y suero y, a partir de los siete o diez días de evolución, se debería enviar una muestra de orina y suero. Las muestras de sangre entera y orina se estudiarán mediante bacteriología o PCR. Ante la muerte del animal podrá remitirse al laboratorio una muestra de tejido renal o hepático refrigerado. La

confirmación del caso clínico se basa en el aislamiento de la bacteria o la detección de ADN *Leptospira* a partir de sangre, orina, o tejidos, y a través de pruebas serológicas (seroconversión en muestras pareadas de suero, o bien, cuando en una única muestra se observa reacción cruzada a tres o más serovares y con un título igual o superior a 1:200). En animales asintomáticos la interpretación de los resultados serológicos debe tomarse con cautela debido al desconocimiento de los días de evolución de la enfermedad, y a la posible detección de anticuerpos de exposiciones pasadas.

Palabras clave: leptospirosis, caninos, epidemiología.

Identificación de hongos por MALDI-TOF MS

CONSTANZA GISELLE TAVERNA

Departamento Micología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS
«Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

ctaverna@anlis.gov.ar

La tecnología de *Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-flight Mass Spectrometry* (MALDI-TOF MS) ha revolucionado el campo de la microbiología, incluyendo la identificación de hongos. Esta nueva tecnología se basa en la obtención de un espectro proteico del microorganismo en estudio y su comparación con los espectros proteicos de cepas de referencia almacenados en base de datos. Posee varias aplicaciones, como la identificación a partir de cultivos, la identificación a partir de muestras clínicas, la detección de resistencia a los antimicrobianos y tipificación. Siendo la identificación a partir del cultivo la más utilizada y la que ha demostrado tener mayor robustez. La identificación por MALDI-TOF MS es rápida, reproducible, fácil de realizar, se puede utilizar para una gran variedad de microorganismos y es aplicable a laboratorios clínicos. Sin embargo, es importante mantener los protocolos establecidos y poseer bases de datos validadas que demuestren el desempeño de la técnica para la correcta identificación y diferenciación de cada grupo de microorganismos. Varios estudios han demostrado que las dos plataformas comerciales de MALDI-TOF MS actualmente más utilizadas (MALDI Biotyper y VITEK MS) permiten la correcta identificación de por los menos un 90 % de los aislados clínicos de levaduras. En cambio, las bases de datos son más limitadas en el número de especies de hongos filamentosos y el número de

identificaciones correctas suele ser menor dependiendo del grupo taxonómico. Por otro lado, es posible generar bases de datos *in house* que completen las bases de datos de los fabricantes con cepas de referencias regionales y cepas de especies poco o nada representadas en estas bases. Además, esas bases se pueden compartir con otros equipos y hasta se pueden realizar identificaciones utilizando aplicaciones en la web. Diversos estudios demuestran que la ampliación de las bases de datos, tanto de levaduras como de hongos filamentosos, permite mejorar los porcentajes de identificaciones correctas. En nuestro laboratorio hemos desarrollado una base de datos de levaduras con 222 espectros de cepas, pertenecientes a 77 especies, validado con 606 cepas regionales y 134 cepas de referencia internacional. Nuestros resultados muestran que la inclusión de espectros mejora significativamente el porcentaje de aislados correctamente identificados; la técnica permite la diferenciación de especies relacionadas genéticamente; las identificaciones incorrectas se debieron a la no diferenciación entre algunas especies relacionadas genéticamente que son difíciles de diferenciar aún por técnicas basadas en ADN o que tienen una clasificación incierta; y que la gran mayoría de las cepas no identificadas pertenecían a especies no representadas en las bases de datos. Otro uso de MALDI-TOF MS es la identificación de microorganismos a partir de muestras que, si bien no está muy extendido y faltan protocolos estandarizados, también parece ser promisorio. En este sentido, algunos estudios que se han realizado para la identificación de levaduras a partir de muestras de sangre han logrado identificar un 60 % de las muestras positivas y tienen la ventaja de obtener los resultados más rápidamente que a partir del cultivo. Finalmente, debemos también considerar que la técnica MALDI-TOF MS permite la identificación rápida de un gran número de hongos a partir de cultivo, pero no debe ser tomada como un dato aislado sino que debe realizarse acompañada de la

visualización morfológica. Además, si bien ha demostrado tener una alta capacidad para diferenciar especies cercanas, no reemplaza completamente la identificación *gold standar* basada en la secuenciación del ADN.

Palabras clave: MALDI-TOF MS; identificación, base de datos.

Utilidad del MALDI-TOF para la rápida identificación de bacterias

MÓNICA ALEJANDRA PRIETO

Bacteriología Especial, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mprieto@anlis.gob.ar

En la microbiología clínica tradicional, la identificación bacteriana se realiza mediante pruebas bioquímicas convencionales o métodos fenotípicos automatizados. Los resultados pueden ser obtenidos a las 24-48 h; sin embargo, pueden requerir varios días y semanas si el microorganismo es inusual o si la muestra es polimicrobiana. En el siglo XXI, el avance de la genómica contribuyó al estudio de diversos microbiomas y a la descripción de numerosos géneros y especies bacterianas nuevas e impulsó reclasificaciones taxonómicas constantes. Actualmente, para la identificación precisa de ciertos patógenos, la caracterización fenotípica convencional es insuficiente y son necesarios métodos moleculares complementarios, los cuales son costosos y requieren de personal altamente entrenado. Desde el punto de vista clínico, el impacto de la identificación bacteriana precisa y veloz es la implementación de una antibioticoterapia dirigida, lo cual contribuye a la racionalización en el uso de las drogas, que es un imperativo en la actual crisis global de la resistencia a los antibióticos. La espectrometría de masas por MALDI-TOF ha cambiado la práctica de rutina de la microbiología al permitir la identificación bacteriana oportuna, precisa y rentable. Es un método técnicamente sencillo y permite el análisis de una gran cantidad de aislamientos a la vez. El nivel de precisión de la identificación es comparable al obtenido por el método patrón de oro que es la secuenciación del gen que

codifica para la subunidad 16S del ribosoma bacteriano. MALDI-TOF permite la identificación de género y especie en tres minutos a partir de una colonia y en veinte minutos a partir de una muestra monomicrobiana. A partir de colonias aisladas, es posible identificar hasta 95 aislamientos bacterianos en noventa minutos. La identificación se lleva a cabo mediante el análisis de proteínas, principalmente ribosomales, a través de la creación de un espectro de masas que es específico para cada género y especie. El espectro obtenido es comparado con los espectros de referencia de las bases de datos de las plataformas MALDI-TOF comerciales y en base a la similitud de los picos proteicos, se asigna un valor de puntuación o nivel de confianza a cada coincidencia. Las bases de datos se comercializan como parte de un sistema patentado y son construidas y mantenidas por los fabricantes, pero se pueden agregar espectros y construir bases de datos personalizadas, lo cual es importante para mejorar el desempeño de las plataformas y para realizar análisis comparativos más profundos con fines epidemiológicos. En Argentina se han desarrollado numerosas bases de datos complementarias y también es el único país que forma parte de la base de datos internacional de libre acceso coordinada por el Centro para el Control de Enfermedades de los Estados Unidos. El avance de la inteligencia artificial, principalmente en el área de algoritmos de aprendizaje automático, y el desarrollo de herramientas bioinformáticas, permitió otras aplicaciones de MALDI-TOF, como la detección de resistencia a los antimicrobianos o la rápida detección de cepas toxigénicas, a partir de una colonia o incluso de muestras como hemocultivos. También fue aplicada para la sub-tipificación bacteriana, lo cual podría ayudar a la rápida detección de brotes. En Argentina se están realizando varias investigaciones sobre el potencial emergente de esta tecnología, como el análisis del peptidoma en muestras de plasma de pacientes sépticos para la detección de biomarcadores que puedan predecir

rápidamente el estadio y la evolución durante el proceso de sepsis. También se están desarrollando modelos matemáticos que permitan utilizar MALDI-TOF para la identificación de artrópodos, utilizando muestras enteras o de parte del cuerpo de la garrapata para la rápida identificación de especies y para la detección de vectores infectados con especies de *Rickettsia*. MALDI-TOF revolucionó la microbiología y siendo accesible al laboratorio clínico está continuamente redefiniendo escenarios epidemiológicos, aunque aún quedan muchas potenciales aplicaciones por explorar.

Palabras clave: espectrometría de masas, MALDI-TOF, Identificación bacteriana.

Real time-PCR, una herramienta útil para detectar copias del virus de la leucosis bovina

GUILLERMINA LAURA DOLCINI

Laboratorio de Virología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN),
Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de
Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

gdolcini@vet.unicen.edu.ar

El virus de la leucosis bovina (BLV) es un retrovirus exógeno que pertenece al género *Deltaretrovirus* de la familia *Retroviridae*. Este virus envuelto infecta naturalmente a los linfocitos B causando la leucosis enzoótica bovina (LEB), una enfermedad que comúnmente afecta a los rodeos lecheros. Aproximadamente el 30 % de los bovinos infectados con BLV desarrollan linfocitosis persistente (LP), y entre el 1 y el 10 % de estos animales manifiestan linfosarcoma (LFS); el resto del ganado permanece asintomático. La LEB tiene una distribución mundial; en Argentina, la prevalencia individual y predial de infecciones por BLV es del 80-90 %. La infección tiene un impacto económico importante en la industria láctea, dado por pérdidas directas (muerte de animales, meses de lactancia, etc.) e indirectas (bajo rendimiento o performance productiva, pérdida de mercados, etc.). Además de afectar a los linfocitos B, el BLV altera el normal funcionamiento de los linfocitos T y monocitos; por otro lado, la infección podría conducir a una disfunción de la inmunidad mediada por células, por lo tanto el trastorno inmunológico resultante puede contribuir al desarrollo de infecciones oportunistas en el ganado infectado. Luego de la infección por BLV, no existe viremia detectable, pero sí una fuerte y persistente respuesta inmune humoral a proteínas

estructurales: la glicoproteína de la envoltura gp51 y la proteína de la cápside p24. El diagnóstico se basa en métodos serológicos para la detección de anticuerpos dirigidos contra dichas proteínas, con técnicas de difusión en gel de agar o ELISA. Técnicas moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) son herramientas útiles y sensibles para la detección rápida y temprana del ADN proviral del BLV en células sanguíneas, semen, órganos y muestras tumorales. Utilizando una *real time-PCR* (qPCR), en nuestro grupo de trabajo hemos determinado que existen dos perfiles de infección. Uno de ellos es el formado por animales que desarrollan alta carga proviral (ACPV), con más de 100.000 copias de provirus/microgramo de ADN, que poseen elevados títulos de anticuerpos anti-gp51 y anti-p24; en este grupo se encuentran los bovinos infectados que desarrollan LFS y LP, además del 40 % de los infectados asintomáticos. El segundo perfil está integrado por animales con menos de 1000 copias de provirus/microgramo de ADN y los clasificamos como de baja carga proviral (BCPV), poseen títulos de anticuerpos anti-gp51 significativamente inferiores respecto a los de ACPV y anticuerpos anti-p24 indetectables; en este grupo se encuentra el 60 % de los bovinos infectados asintomáticos. Dado que los animales con BCPV poseen exigua cantidad de linfocitos infectados, la transmisión del virus a partir de ellos es prácticamente nula y su permanencia en el rodeo constituye una ventaja. Desde hace varios años, nuestro grupo se ha abocado al estudio de la respuesta inmune frente al virus en los bovinos con los distintos perfiles de infección. Los animales con ACPV presentan un perfil anti-apoptótico y pro-proliferativo, mientras que los animales de BCPV pueden ser controladores de la infección/diseminación viral, ya que mantienen un estado pro-apoptótico, relacionado a una menor respuesta proliferativa, junto a una mayor expresión de citoquinas de perfil Th1. Esta expresión diferencial de citoquinas también se evidenció a nivel de glándula

mamaria. Por otro lado, frente al estrés calórico, los animales con ACPV presentan una mayor alteración en la homeostasis que los de BCPV, lo cual se traduciría en una deficiencia de su sistema inmunológico. Aún no existe una vacuna efectiva contra el BLV. Los programas de control de la LEB se basan en la detección de animales serológicamente positivos y su eliminación, segregación o manejo diferencial. Dadas las prevalencias de infección por BLV en nuestro país, estas prácticas no son viables. Utilizando la qPCR, proponemos como posible alternativa de control la selección de animales según su carga proviral, reemplazando a los animales infectados de ACPV por animales de BCPV, ya que estos últimos, además de poseer una respuesta celular más eficaz, serían menos eficientes para transmitir el virus.

Palabras clave: virus de la leucosis bovina, carga proviral, *real time-PCR*.

***Staphylococcus* resistentes a la meticilina en el marco de «Una Salud»: un viejo conocido en medicina humana vigente en la medicina veterinaria**

PAULA GAGETTI

Servicio Antimicrobianos, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

pgagetti@anlis.gob.ar

El género *Staphylococcus* actualmente comprende 81 especies y subespecies, la mayoría de las cuales son comensales o patógenos oportunistas de mamíferos, y colonizan nichos como la piel, las fosas nasales y diversas membranas mucosas. Varias especies son de gran importancia médica o veterinaria. *S. aureus*, la especie patógena mas significativa en humanos, es también una causa importante de infección y enfermedad en diversos hospedadores animales, lo que tiene un impacto relevante en la salud pública. *S. aureus* puede encontrarse en mascotas y caballos. Su portación en animales de consumo varía de acuerdo a la especie hospedadora, pudiendo alcanzar porcentajes muy elevados en pollos, cerdos, ovejas, vacas y novillos. Además, es uno de los principales agentes etiológicos de la mastitis bovina, junto con los estafilococos coagulasa negativa, principalmente *S. chromogenes* y *S. haemolyticus*. *S. pseudintermedius* forma parte de la microbiota de la piel y las mucosas de animales de compañía, especialmente caninos, en los que es agente etiológico de diferentes enfermedades. En los últimos años fue reconocido como un agente zoonótico, y si bien en condiciones normales no coloniza al hombre, bajo ciertas circunstancias puede causarle enfermedad severa. *S. pseudintermedius* cuenta con varios

factores de virulencia, como enzimas, proteínas de superficie y toxinas, que participan en la adherencia, formación de biopelículas y evasión de la respuesta inmune. Posee resistencia múltiple a los antimicrobianos, lo que dificulta el tratamiento de las infecciones que produce y, además, constituye un importante reservorio de genes de resistencia que pueden transmitirse a otras especies. Independientemente de las infecciones que producen los estafilococos, un problema frecuente característico de estas especies es la resistencia a los antibióticos. Probablemente, la mayor alarma asociada con estafilococos es la resistencia a la meticilina. Apenas un año después de la introducción de esta molécula para el tratamiento clínico, en 1960, emergieron las cepas de *S. aureus* resistentes a la meticilina (MRSA), las cuales en pocos años adquirieron resistencia a otras drogas y se diseminaron por el mundo. El primer caso de MRSA en animales fue documentado en mastitis bovina en 1972 y a partir de allí numerosos estudios muestran la presencia de MRSA en distintos animales de producción y de compañía. La diseminación de MRSA es cada vez mayor debido a su capacidad de establecer nuevos reservorios, diferenciándose tres grandes grupos: HA-MRSA asociado al ámbito hospitalario, CA-MRSA asociado a la comunidad y LA-MRSA asociado al ganado. Mediante técnicas de epidemiología molecular se puede conocer la distribución de los clones y la estructura poblacional de MRSA en los diferentes grupos. Los estafilococos son microorganismos muy dinámicos y la plasticidad de sus genomas es la principal fuerza impulsora evolutiva para el surgimiento de nuevas cepas con mayor virulencia, resistencia y capacidad para adaptarse a nuevos huéspedes. Esa interfaz entre diferentes hospedadores es una oportunidad de intercambio bacteriano con las posibles implicancias para la salud pública. El concepto de «Una Salud» resalta la importancia de la vigilancia continua para rastrear la evolución de estas especies.

Palabras clave: *Staphylococcus* spp., resistencia antimicrobiana, Una Salud.

Vigilancia genómica de la resistencia bacteriana en «Una Salud»: Perspectivas y desafíos para Latino América

NILTON LINCOPAN

Departamento de Microbiologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo (USP). São Paulo, Brasil

lincopan@usp.br

La vigilancia genómica de la resistencia bacteriana tiene mejorada significativamente la capacidad de rastrear la propagación global y el surgimiento de clones multirresistentes de patógenos clínicamente relevantes que circulan en la interfase humana-ambiente-animal. Específicamente, la resistencia a las cefalosporinas de amplio espectro y carbapenémicos ha sido catalogada como un problema de prioridad crítica por la Organización Mundial de la Salud (OMS). En Sud América, la presencia de clones internacionales de *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa* ha sido ampliamente reportado en medicina humana, alcanzando un nivel endémico. En medicina veterinaria, clones de alto riesgo de *E. coli*, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa* han comenzado a ser reportados en animales de compañía, animales de producción y animales de vida libre. Con relación a esto, la presencia de cepas de *E. coli*, productora de beta-lactamasa de amplio espectro (BLEE) del tipo CTX-M, pertenecientes a los clones internacionales secuencias tipos ST10, ST58, ST90, ST131, ST155, ST224, ST410, ST602, ST648, ha sido identificada en animales infectados y no infectados en Perú y Brasil, así como en ambientes acuáticos impactados en Brasil. Por otro lado, *K. pneumoniae* productora de CTX-M y carbapenemasas del tipo KPC-2, pertenecientes a las ST15, ST307 y grupo clonal CG258 (ST11 y ST340),

han aparecido como una urgencia clínica y epidemiológica en animales de compañía, aves de vida libre, roedores y fauna marina en Brasil y Perú. Preocupa la identificación de *E. coli* con resistencia a las polimixinas mediada por la producción de MCR que ha sido creciente en Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Paraguay, Perú, Uruguay y Venezuela, y con implicancias en «Una Salud». Finalmente, la presencia de plasmídeos endémicos parece contribuir para la diseminación de estos genes de resistencia y con la selección/persistencia de clones de prioridad crítica, cuya diseminación más allá de ambientes hospitalarios parece reconocer una conducta antropogénica y una transferencia a los animales como una zoonosis reversa o zooantroponosis.

Palabras clave: *One Health*, resistencia bacteriana, genómica, clones internacionales, Latino América.

Control de resistencia bacteriana a los antimicrobianos en pequeños animales en Chile: Esfuerzos integrados bajo el concepto «Una Salud»

NICOLÁS GALARCE

Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile (UCHile); Comisión «Una Salud» del Colegio Médico Veterinario de Chile. Santiago de Chile, Chile

ngalarce@ug.uchile.cl

Actualmente, la medicina veterinaria se enfrenta a un escenario cada vez más preocupante, generado por la aparición y diseminación de bacterias resistentes a los antimicrobianos que amenazan la salud humana y animal a nivel mundial. Si bien la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) promueve el uso responsable y prudente de los antimicrobianos, con el fin de prevenir y reducir la selección, emergencia y propagación de bacterias resistentes en los animales y en el ser humano, sus principales líneas de acción en el control y uso prudente de los antimicrobianos han sido focalizadas en los animales de producción. Por ello, existe una falta de control del uso de estas drogas en medicina de animales pequeños, situación también preocupante ya que el estrecho contacto entre las mascotas y sus propietarios pueden ser una importante vía de diseminación de bacterias resistentes, especialmente si se estima que las mascotas reciben el 37 % de los antibióticos destinados a los animales a nivel mundial de acuerdo al informe anual 2020 de la OIE sobre el uso de antimicrobianos en animales. Por lo expuesto, en el año 2018 el Colegio Médico Veterinario de Chile estableció la Mesa de Trabajo para el control de Resistencia a los Antimicrobianos en Pequeños Animales,

conformada por académicos y profesionales de la práctica pública y privada, cuyo objetivo es establecer recomendaciones generales para el uso responsable y prudente de los antimicrobianos en animales pequeños en Chile. Así, dentro de sus productos se encuentra la primera encuesta nacional sobre los patrones de prescripción de estas drogas en la práctica clínica de pequeños animales, y el *Manual de buenas prácticas en el uso de antimicrobianos en animales pequeños*, documento incluido como material oficial del Plan Nacional Contra la Resistencia a los Antimicrobianos. De esta forma, se espera contribuir a la formación actualizada de las y los médicos veterinarios, y propiciar el uso adecuado de estas drogas en una actividad tan importante para la medicina veterinaria, impactando no solo en la salud y bienestar de nuestros animales, sino también en la salud pública.

Palabras clave: resistencia a los antimicrobianos, pequeños animales, Chile.

Situación de la resistencia a los antimicrobianos: ¿De dónde venimos? ¿dónde estamos? y ¿hacia dónde vamos?

ALEJANDRA CORSO

Servicio Antimicrobianos, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán»; LNR/LRR en Resistencia a los Antimicrobianos (MSAL-OPS/OMS); Centro Colaborador de OMS en Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

acorso@anlis.gob.ar

La creciente resistencia a los antimicrobianos (RAM) se ha convertido en una de las mayores preocupaciones de la salud pública mundial del siglo XXI. El uso indebido y excesivo de los antimicrobianos en humanos, animales y plantas, la falta de acceso equitativo a antimicrobianos y vacunas y la debilidad de los sistemas de salud, producción de alimentos y piensos, inocuidad de los alimentos y gestión de desechos, han incrementado la carga de enfermedades infecciosas en animales y humanos, acelerando la emergencia y propagación de patógenos resistentes. Otro de los desafíos a los que hoy nos enfrentamos es la falta de nuevos antibióticos. Durante las últimas décadas, la industria farmacéutica ha desacelerado la inversión en nuevas moléculas, por lo que hoy disponemos de muy pocas opciones para dar respuesta a las infecciones por los gérmenes multirresistentes de circulación actual. Actualmente, se han alcanzado niveles alarmantes de RAM en las bacterias prevalentes, tanto en el medio hospitalario como en la comunidad. Este fenómeno es independiente del nivel de ingresos de los países, lo que hace que enfermedades frecuentes se estén

volviendo intratables y que procedimientos médicos sencillos conlleven a mayores riesgos. Algunas acciones, además del control del uso de antimicrobianos, son fundamentales y contribuyen a desacelerar la aparición y transmisión de la RAM en todas las áreas, entre ellas: **i)** el fortalecimiento de la prevención y el control de las infecciones en los centros sanitarios y las granjas, y **ii)** minimizar la transmisión de enfermedades a través del acceso al agua potable, el saneamiento y la higiene en los centros sanitarios, las granjas y los entornos comunitarios. Los planes de acción nacionales contra la resistencia a los antimicrobianos (PNA) están dando una respuesta multisectorial basada en el enfoque de «Una salud», donde intervienen los sectores de salud humana, animal, plantas, alimentos y el medio ambiente. Los PNA son esenciales para el fortalecimiento de los sistemas de vigilancia de la RAM y del uso y consumo de antimicrobianos en salud humana y animal, otorgan el marco de la reglamentación nacional, la formación profesional, así como la divulgación de la problemática y la sensibilización de todas las partes interesadas. La priorización de la investigación y el desarrollo de nuevas herramientas de diagnóstico, vacunas y antibióticos con las que se garantice la distribución, uso y asequibilidad adecuadas para todos los que necesiten, son elementos clave para enfrentar la batalla de la RAM.

Palabras clave: resistencia, antimicrobianos, Una Salud.

Características y diagnóstico de *Brachyspira* spp.

Datos en Argentina

ALICIA ISABEL CARRANZA

Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

acarranza@ayv.unrc.edu.ar

Distintas especies de espiroquetas pertenecen al género *Brachyspira*, antes llamado género *Serpulina*. Estas bacterias se caracterizan por ser anaeróbicas, gramnegativas, móviles y se localizan en el intestino grueso de distintas aves, mamíferos e incluso el hombre. Algunas especies son reconocidas como patógenas y otras como comensales o de baja virulencia. Las especies reconocidas hasta ahora son nueve: *B. hyodysenteriae*, *B. pilosicoli*, *B. murdochii*, *B. intermedia*, *B. alvinipulli*, *B. aalborgi*, *B. innocens*, *B. suanatina* y *B. hampsonii*. La especie más estudiada es *B. hyodysenteriae*, que produce la disentería porcina, afecta a animales en crecimiento y terminación con cuadros de diarrea mucohemorrágica severa y alta letalidad. Las especies zoonóticas son *B. pilosicoli* y *B. aalborgii*, que producen un cuadro digestivo en humanos, con mayor prevalencia si tienen escasos recursos y entre pacientes inmunocompetentes. Las espiroquetas tienen una estructura única, forma helicoidal y poseen flagelos periplásmicos internos unidos en los extremos de la célula. Estos flagelos le confieren una motilidad diferente a otras bacterias, permitiéndole moverse en medios altamente viscosos como el moco producido por las células caliciformes en el intestino grueso. Son anaeróbicas pero la presencia de NADH oxidasa las presenta como aerotolerantes y sobreviven en presencia de oxígeno. Las diferentes

especies producen débil o fuerte β hemólisis, lo que permite una diferenciación fenotípica entre especies. El tamaño de la espiroqueta, el número de flagelos periplásmicos unidos en cada extremo y si los flagelos periplásmicos se superponen en el centro de la célula, varía de especie a especie. Las espiroquetas se pueden observar en forma directa por microscopía óptica tanto en campo oscuro como en contraste de fases y en frotis de materia fecal o de cultivos, a partir de coloraciones con Gram, con carbol fucsina al 10 % o con la tinción Fontana-Tribondeau, basada en sales de plata. Ninguna de estas formas de identificación permite diferenciar entre las distintas especies de *Brachyspira*. El aislamiento del agente a partir de materia fecal o mucosa colónica en medios selectivos y la realización de pruebas bioquímicas permiten identificar las distintas especies. Pero este proceso demora varios días, son de lento crecimiento, en anaerobiosis y se desarrollan en forma de pátina, lo que dificulta la purificación. Varias características fenotípicas son útiles para identificar las especies conocidas de *Brachyspira*. La hemólisis y las reacciones bioquímicas como la producción de indol, la hidrólisis del hipurato, la actividad α -galactosidasa y las actividades α y β -glucosidasa permiten diferenciar entre las especies. Hay técnicas moleculares, como la PCR, que permiten identificar el género y la especie a partir de muestras de materia fecal o del aislamiento por cultivo. El gen *nox* (NADH oxidasa) permite determinar rápidamente la diferencia entre especies, si la muestra contiene suficiente cantidad de bacterias, lo que hasta el momento sólo se puede lograr a partir de cultivos. En Argentina se han identificado *B. hyodysenteriae*, *B. pilosicoli*, *B. murdochii* y *B. innocens* en cerdos y *B. pilosicoli* en aves ponedoras. La prevalencia de granjas porcinas con *Brachyspira* spp fue del 75,5 % sobre 53 granjas confinadas del centro del país, en tanto que para *B. hyodysenteriae* y *B. pilosicoli* fue menor al 10 %, mientras que *B. murdochii* y *B. innocens* fueron las especies más

frecuentemente encontradas. La determinación e interpretación sobre la susceptibilidad antimicrobiana de *Brachyspira* spp. es controversial. Si bien se dispone de pautas en CLSI para *B. hyodysenteriae*, se considera que no existe una metodología estándar detallada y aceptada internacionalmente para *Brachyspira* spp. Cepas de campo de *Brachyspira hyodysenteriae* y *B. pilosicoli* del país se presentaron como resistentes a la lincomicina y a la tiamulina de acuerdo a trabajos previos.

Palabras clave: espiroquetas intestinales, diagnóstico, prevalencia.

Diagnóstico de enfermedades clostridiales de los animales

FRANCISCO UZAL

California Animal Health and Food Safety Laboratory, School of Veterinary Medicine,
University of California-Davis; San Bernardino Lab. California, United States of America

fauzal@ucdavis.edu

Las enfermedades clostridiales son producidas por bacterias del género *Clostridium*, bacilos grampositivos, anaerobios y esporulados. La gran mayoría de los animales domésticos y silvestres son susceptibles a una o más de las enfermedades clostridiales descritas en este resumen. Las enfermedades clostridiales de los animales se clasifican en entéricas, histotóxicas y neurotóxicas. **I)** Enfermedades clostridiales entéricas: las enfermedades entéricas pueden caracterizarse por producir lesiones intestinales o por producir toxinas en el intestino que se absorben y actúan en órganos lejanos (enterotoxemias). Los agentes más importantes responsables por las enfermedades clostridiales entéricas son *Clostridium perfringens*, *Clostridium difficile*, *Clostridium piliforme*, *Clostridium spiroforme* y *Clostridium colinum*. El diagnóstico presuntivo de estas enfermedades se basa en los signos clínicos y los hallazgos macro y microscópicos y, en la mayoría de los casos, se confirma por la detección de las toxinas pre-formadas en el intestino (e. g. *C. perfringens* tipos B, C y D, y *C. difficile*). El aislamiento de algunos de estos microorganismos del contenido intestinal (e. g. *C. perfringens* tipo A) no tiene valor diagnóstico, ya que pueden encontrarse en el intestino de la mayoría de los animales sanos. **II)** Enfermedades clostridiales histotóxicas: estas enfermedades se caracterizan por producir infecciones en órganos parenquimatosos, tales como los músculos esqueléticos, el

corazón y el hígado. Ejemplos de estas enfermedades son la mancha (*Clostridium chauvoei*), gangrena gaseosa (producida por uno o más de los siguientes micrororganismos: *Clostridium septicum*, *Clostridium chauvoei*, *Clostridium sordellii*, *Clostridium novyi* y *Clostridium perfringens* tipo A), hemoglobinuria bacilar (*Clostridium novyi* tipo D) y hepatitis infecciosa necrosante (*Clostridium novyi* tipo B). El diagnóstico presuntivo de estas enfermedades se basa en los signos clínicos y los hallazgos macro y microscópicos, y se confirma por la detección de el o los organismos responsables en los tejidos de los animales infectados, por cultivo, anticuerpos fluorescentes, inmunohistoquímica y/o métodos moleculares, principalmente PCR.

III) Enfermedades clostridiales neurotóxicas: este grupo incluye el botulismo y el tétanos, producidas por *Clostridium botulinum* y *Clostridium tetani*, respectivamente. El diagnóstico presuntivo de ambas enfermedades se basa en los signos clínicos y la ausencia de lesiones macro y microscópicas. El botulismo se confirma por la detección de las toxinas de *C. botulinum*, por seroprotección en ratones o técnicas de espectrofotometría. Actualmente no hay técnicas de laboratorio comerciales disponibles para el diagnóstico de tétanos, por lo que la confirmación de esta enfermedad se basa en los signos clínicos, la historia clínica de lesiones que hayan podido ser puerta de entrada de los microorganismos, y la observación de improntas de heridas, en las que la presencia de bacilos grampositivos con esporas terminales es muy sugestiva de tétanos.

Palabras clave: animales, *Clostridium*, diagnóstico, enfermedades clostridiales.

Diagnóstico y vacunas de clostridios: pasado y presente

ARIEL ALEJANDRO KOVAL

Biogénesis Bagó. Garín, Buenos Aires, Argentina

ariel.koval@biogenesisbago.com

A partir de las experiencias de Pasteur y de los postulados de Koch comenzó la «era de las vacunas», de la mano de la bacteriología como una de las nuevas y promisorias ramas de la ciencia. Sin embargo, es imposible pensar en desarrollar vacunas sin considerar el diagnóstico como el primer paso y, en medicina veterinaria, ambos procesos están relacionados y son dependientes el uno del otro. Las bacterias anaerobias hoy incluidas dentro del género *Clostridium*, se asociaron a cuadros clínicos conocidos desde la antigüedad, como el tétanos o las gangrenas y, a partir del aporte de Gastón Ramón en la década de 1920, comenzó el uso de toxoides como inmunógenos, método que, con sucesivas modificaciones, continúa en uso. La obtención de vacunas seguras y eficaces requirió años de investigación y trabajo. En medicina veterinaria el desarrollo de las vacunas clostridiales comenzó su consolidación entre 1950 y 1980. Wellcome Research en Inglaterra y Onderstepoort en Sudáfrica formaron profesionales de países en desarrollo y constituyeron bancos de aislamientos correctamente identificados y puestos al alcance de laboratorios productores de vacunas y de organismos regulatorios para controles de calidad. En nuestro medio rural eran escasos los profesionales veterinarios, los laboratorios de diagnóstico y la oferta de vacunas. Hasta la década de 1980 los brotes de mancha por *Clostridium chauvoei* y de hemoglobinuria bacilar por *C. haemolyticum* fueron problemas en los rodeos. Se vacunaba poco y con productos de baja calidad

inmunogénica. Esta situación se resolvió por la aplicación de un *Manual de Métodos de Control de Vacunas Bacterianas* (SENASA, 1995) todavía vigente, mejorando la calidad de los inmunógenos y logrando su aplicación sistemática. Veterinarios y productores comenzaron una vacunación continua y los brotes epidémicos se hicieron esporádicos, reduciendo la demanda de diagnósticos. En el laboratorio especializado la tecnología era escasa, compleja y era poco el apoyo brindado por los colegas de campo en cuanto al envío de muestras. En la década de 1990 los estudios moleculares y la tecnología aportada por ellos permitieron conocer la cinética de desarrollo de cada especie bacteriana y de la producción y la degradación de sus toxinas; su purificación, concentración e inactivación manteniendo los epitopes generadores de inmunidad; el descubrimiento de nuevas toxinas y su interacción en cada patología; su identificación en sistemas biológicos o *in vitro*. A esto se sumó el conocimiento del funcionamiento del sistema inmune en general y el de algunas especies animales en particular. En la actualidad, se cuenta con mejores herramientas para arribar a un diagnóstico confirmatorio, en cuanto a la selección, preservación y envío de muestras y los requerimientos de desarrollo de cada especie bacteriana, como así también el manejo de las diferentes metodologías para valorar la potencia de las vacunas, de las toxinas que las componen o de los sueros anti, tanto con animales de laboratorio como con metodologías *in vitro*. Otro avance tuvo lugar a partir del trabajo de los departamentos de desarrollo e investigación de los laboratorios que, utilizando lo mencionado, lograron la caracterización de cada bacteria que se emplea para elaborar una vacuna, estableciendo así protocolos definidos de producción para normatizar cada proceso y sus puntos críticos de control. La producción de toxinas recombinantes ha sido poco aplicable para elaborar vacunas para animales de producción dado su costo, pero ha permitido generar reactivos muy purificados para pruebas

diagnósticas e investigación. La evolución en la calidad de las vacunas ha significado un gran avance para nuestra ganadería y, como consecuencia, ha reducido drásticamente la demanda de diagnósticos relacionados a enfermedades producidas por clostridios.

Palabras clave: clostridios, diagnóstico, vacunas.

Aportes de la genómica en medicina veterinaria

ANDREA FABIANA PUEBLA

Unidad de Genómica, Instituto de Biotecnología (IABIMO), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

puebla.andrea@inta.gob.ar

La microbiología clínica está experimentando avances revolucionarios por la disponibilidad de ensayos de detección, identificación y caracterización molecular, basados en secuenciación de alto rendimiento y otras tecnologías de alta complejidad. La automatización y la vinculación de sistemas de información para la gestión de *big data* fortalece la investigación y el desarrollo de proyectos tanto en el área clínica humana como en la microbiología veterinaria. El enfoque multisectorial «Una Salud», que la Organización Mundial de la Salud (OMS) propuso hace casi dos décadas, permitió diseñar e implementar programas, políticas, legislaciones e investigaciones en los que múltiples aspectos de las interacciones de los seres humanos, los animales, los alimentos y el medio ambiente son considerados y estudiados. Estos aspectos tienen una relevancia particular para la seguridad alimentaria, el control de zoonosis y la resistencia a los antibióticos. En los últimos años, también existe equipamiento de mediano rendimiento y tecnologías de tercera generación, que han permitido que la secuenciación masiva esté disponible para laboratorios de mediana complejidad y hasta se adapten al trabajo a campo. El desarrollo colaborativo de protocolos estandarizados y herramientas de análisis de datos de acceso libre, junto con el fortalecimiento de los trabajos en grupos multidisciplinarios y la colaboración internacional, han permitido

asumir retos extraordinarios, como lo evidencia el esfuerzo global de investigación, vigilancia, desarrollo de vacunas y terapéuticos contra la COVID-19. En Argentina, el apoyo de las políticas públicas locales y el financiamiento internacional asociado a grupos dedicados a la genómica animal y vegetal, permitieron el establecimiento de plataformas y consorcios de base tecnológica que acercan las tecnologías genómicas de última generación disponibles en el mundo y son impulsoras del crecimiento de capacidades en múltiples áreas del conocimiento.

Palabras clave: tecnologías genómicas, secuenciación, genómica, transcriptómica, metagenómica.

Resúmenes de los trabajos presentados



EJE

Bacteriología



**Congreso de
Microbiología
Veterinaria**

Tuberculosis por *Mycobacterium bovis* en un felino doméstico del partido de San Martín, Buenos Aires, Argentina

**PABLO JESÚS BORRÁS¹, MARÍA JIMENA MARFIL²,
GUSTAVO MARTÍNEZ³, EDUARDO FUNES⁴, MARCELA
MARTÍNEZ VIVOT² Y SOLEDAD BARANDIARAN²**

¹ Servicio de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Clínica Veterinaria Panda. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Cátedra de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Zoonosis Urbanas, Ministerio de Salud de la provincia de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina

⁴ Veterinaria Vet24. Caseros, Buenos Aires, Argentina

pablojesusborras@gmail.com

Los felinos domésticos son susceptibles a *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*) pudiendo presentar diferentes signos clínicos dependiendo de la vía de ingreso del agente y de la inmunidad del paciente. La principal vía de contagio en gatos domésticos se encuentra asociada al consumo de vísceras crudas. A su vez, se ha reportado la transmisión de *M. bovis* entre gatos-gatos y gatos-humanos (DALE *et al.*, 2019), alertando sobre el riesgo zoonótico. El objetivo de este trabajo es reportar un caso de infección por *M. bovis* en un felino doméstico del partido de San Martín, Argentina. Se presentó a consulta un felino de raza común europeo, de 5 meses de edad, hembra entera, derivado por un síndrome febril y linfadenomegalia que afectaba principalmente los linfonodos submaxilares, poplíteos y mesentéricos. Se tomaron muestras, mediante PAAF (Punción

Aspiración con Aguja Fina), para tinción de Ziehl Neelsen y cultivo bacteriológico en medios de Stonebrink y Löwenstein Jensen. Las colonias que se obtuvieron se procesaron por PCR (IS-6110 y multiplex). Resultaron positivas al complejo *Mycobacterium tuberculosis* y fueron identificadas como *M. bovis*. Como tratamiento, se instauró un protocolo antibiótico empírico para micobacteriosis (claritromicina 10 mg/kg/12 h + doxiciclina 5 mg/kg/12 h + rifampicina 10 mg/kg/24 h) hasta el deceso, que ocurrió a los 15 días de la toma de muestras. Posteriormente, se realizó la necropsia donde se observaron granulomas compatibles con tuberculosis en linfonodos submandibulares y mediastínicos y también en pulmones e hígado. Se realizó la notificación obligatoria de esta enfermedad (Ley 15.465/60) y Zoonosis Urbanas realizó las respectivas medidas de atención de foco en el domicilio involucrado, así como los controles clínicos a los gatos convivientes y a los propietarios. La tuberculosis por *M. bovis* constituye una enfermedad emergente en la clínica de pequeños animales sumado a su potencial riesgo zoonótico. Su confirmación constituye un desafío debido a que requiere tanto de bacteriología como genotipificación. Es fundamental incluirla dentro de los diagnósticos diferenciales en felinos con afecciones crónicas de linfonódulos.

Palabras clave: tuberculosis, felinos, zoonosis.

Serovares de *Leptospira* detectados serológicamente en animales de producción pecuaria de la zona sur de la provincia de Santa Fe, Argentina

SILVINA EDIT FRANCOIS, GEORGINA LYS POLI, LILIAN MARÍA ANTHONY Y NORMA BEATRIZ PEREYRA

Laboratorio de Leptospirosis de la Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa Fe, Argentina

silvinafrancois@fcv.unr.edu.ar

La leptospirosis es una enfermedad infecciosa de alto impacto económico en la producción pecuaria, debido a la producción de abortos y muertes perinatales. El objetivo fue detectar mediante la técnica de aglutinación microscópica los serovares de *Leptospira* spp. que infectan a porcinos, bovinos y equinos. Durante 2019-2020 se analizaron 62 sueros sanguíneos de porcinos, 200 de bovinos y 35 de equinos, de diferentes sexos y edades, de establecimientos del sur de Santa Fe. Los porcinos y bovinos estaban vacunados, los sueros provenían de animales con problemas reproductivos. Las muestras de sangre fueron obtenidas por venopunción y los sueros refrigerados. Se emplearon cepas de referencia de *Leptospira* spp.: Pomona; Icterohaemorrhagiae, Canicola, Bratislava, Pyrogenes, Hardjo y Wolffi de *L. interrogans*; Grippotyphosa de *L. kirschneri* y Ballum Castellonis de *L. borgpetersenii*. El punto de corte fue de 1:100 para equinos y 1:200 para porcinos y bovinos. Dentro de los sueros porcinos, se hallaron 27 (43,54 %) reactivos, 18 (66,66 %) reaccionaron a un serovar y 9 (33,33 %) a varios serovares. La mayoría de las reacciones cruzadas se

observaron entre Pomona y Castellonis, con títulos de 1:200. En las reacciones individuales, Castellonis fue prevalente con títulos de hasta 1:400, seguido por Icterohaemorrhagiae y Tarassovi con 1:200. De los sueros bovinos, se detectaron 85 (42,5 %) reactivos, 48 (56,47 %) reaccionaron frente a un serovar y 37 (43,52 %) a varios. Hardjo, Wolffi y Castellonis prevalecieron en las reacciones cruzadas, con un título de 1:200. En los sueros reactivos a un serovar, Castellonis fue detectado mayoritariamente, seguido por Hardjo y Pomona, con 1:200. En equinos, se hallaron 18 (51,42 %) sueros reactivos. El 50 % reaccionó frente a un serovar, Pomona (7/9), con título 1:400, seguido por Icterohaemorrhagiae (2/9) a 1:100. En una de las reacciones cruzadas, el título más alto detectado fue de 1:400 para Pomona y Castellonis. En porcinos y bovinos, se observó una alta prevalencia a Castellonis y títulos bajos, se podría presumir que la reactividad detectada se debió a las vacunaciones contra *Leptospira*. En los equinos, por el contrario, se hallaron títulos contra Pomona que consideramos significativos, debido a que no son vacunados.

Palabras clave: serología, leptospira, bovinos, porcinos, equinos.

Seroprevalencia de *Chlamydia abortus* en majadas ovinas de la provincia de Buenos Aires

PAOLA DELLA ROSA¹, GERMÁN JOSÉ CANTÓN², YANINA PAOLA HECKER^{2,3} Y MARÍA ANDREA FIORENTINO²

¹ Estación Experimental Agropecuaria Mercedes (EEA-INTA Mercedes). Mercedes, Corrientes, Argentina

² Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (EEA-INTA Balcarce). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

dellarosa.paola@inta.gob.ar

Chlamydia abortus es la bacteria causante del aborto enzoótico ovino (AEO), que se caracteriza por provocar importantes pérdidas económicas en muchas áreas del mundo debido a las fallas reproductivas que ocasiona. Existen evidencias de que esta bacteria circula en el país, pero hasta el momento se desconoce la seroprevalencia en algunas regiones. El objetivo del presente trabajo fue estimar la seroprevalencia de *C. abortus* en 8 tambos ovinos de la provincia de Buenos Aires, evaluando además la asociación entre la seropositividad a *C. abortus*, la categoría de los animales y el tamaño de majada. El tamaño muestral se calculó con una prevalencia estimada del 4 % y un intervalo de confianza (IC) del 95 % (n= 485 animales). Se utilizó un kit de ELISA indirecto comercial (IDEXX Chlamydiosis Total Ab Test, USA); para la realización e interpretación de los resultados se siguieron las especificaciones del fabricante. La seroprevalencia a *C. abortus* fue del 7,8 % (IC 95 % 6,04-9,6 %). Se

estableció una asociación entre el menor tamaño de la majada y la mayor probabilidad de presentar seroreactores ($p < 0,05$). Los animales de raza Frisona Milchschaft tuvieron 1,15 veces (IC 95 % 1,03-1,28 %) más chances de ser positivos a *Chlamydia* que los animales de raza Pampinta ($p < 0,008$). Se observó una tendencia en las ovejas mayores a 2 años a presentar mayor seroprevalencia que las borregas, aunque las diferencias no fueron estadísticamente significativas ($p > 0,05$). El presente trabajo constituye el primer reporte en tambos ovinos de la provincia de Buenos Aires. La seroprevalencia encontrada coincide con la reportada por otros autores en Alemania, España y Arabia Saudita. Si bien los resultados constituyen una aproximación a la realidad del AEO en nuestras majadas, es sabido que tanto *C. abortus* como *Chlamydia pecorum* pueden circular conjuntamente en un mismo establecimiento y que la técnica de ELISA utilizada no permite diferenciarlas; por lo tanto, se requiere profundizar las investigaciones para discriminar ambos agentes. Los resultados obtenidos podrían ser de gran utilidad en estudios futuros que permitan dirigir la selección de majadas en base a la presencia de esta enfermedad.

Palabras clave: serología, *Chlamydia abortus*, ovinos.

Influencia del probiótico *Pediococcus pentosaceus* usado en reemplazo de antibióticos promotores del crecimiento sobre la calidad de carne, parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos

**JULIÁN PARADA³, ALEJANDRA PAOLA MAGNOLI^{2,3},
FÁTIMA CANDELARIA DE LA TORRE², VALERIA POLONI^{3,4},
ANALÍA FOCHESATO^{3,4}, MARÍA PÍA MARTÍNEZ^{3,4}, ALICIA
ISABEL CARRANZA¹ Y LILIA RENEE CAVAGLIERI^{3,4}**

¹ Departamento de Patología Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁴ Departamento de Microbiología e Inmunología, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

amagnoli@ayv.unrc.edu.ar

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de *Pediococcus pentosaceus* usado como reemplazo de antibióticos promotores de crecimiento (APC) sobre la calidad de carne, los parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos. Se utilizaron 550 animales (Agrocercos PIC) de 21 días de edad, alojados en salas confinadas, caravaneados y separados por similitud de peso, alimentados *ad libitum*. Tratamientos (T): T1: Dieta control (DC) con APC; T2: DC sin APC+ *P. pentosaceus* (1×10^9 UFC/ kg de alimento) aplicados durante la recría (día 21 al día 70 de vida). Finalizada la etapa de engorde fueron

llevados a frigorífico donde se tomaron muestras de sangre para evaluar los niveles de colesterol, se pesaron las canales, se calcularon los porcentajes de magro (Fat o Meater [FOM]), se determinó el espesor del músculo longissimus (calibre), y se inspeccionaron visualmente lesiones en el tracto respiratorio superior, rinitis atrófica (RA) e índice de neumonía (IN) en el tracto respiratorio inferior. En el músculo se evaluó la capacidad de retención de agua (CRA) (pérdidas por goteo y cocción). Los resultados obtenidos demostraron que existió una tendencia a aumentar el % de magro (0,5 %) y un aumento del 4,5 % en el espesor del músculo en los animales tratados con el probiótico. El análisis bioquímico de colesterol mostró una reducción altamente significativa ($p \leq 0.0001$) de sus niveles en sangre de animales tratados con probiótico. Si bien los estudios de tracto respiratorio superior no mostraron diferencias entre los distintos tratamientos, el índice de RA mejoró en los animales tratados con *P. pentosaceus* ($p \leq 0.0001$). En este estudio la presencia del probiótico mejoró la capacidad de retención de agua de la carne de cerdo. En conclusión, la aplicación del probiótico influyó positiva y significativamente sobre los parámetros de calidad de carne, peso de la canal, capacidad de retención de agua y sobre parámetros sanitarios, reduciendo el índice RA y los niveles de colesterol en sangre. La tendencia positiva lograda en el porcentaje de magro por el probiótico en 49 días de tratamiento en recría se espera que se consolide cuando los animales sean tratados con *P. pentosaceus* en todas las etapas de crecimiento.

Palabras clave: *Pediococcus pentosaceus*, cerdos, probióticos, antibióticos promotores del crecimiento, calidad de carne, sanidad.

Modelado matemático del desarrollo bacteriano de carnes bovinas tratadas con luz UV-C, aditivos naturales y temperaturas de refrigeración

**MARIANA FERNÁNDEZ BLANCO^{1,2}, ANA JULIA AMASINO¹,
GLADYS MABEL LAPORTE, IRENE DEL CARMEN PENA¹,
PABLO ELÍAS DE LA SOTA¹, DANIELA FLAVIA OLIVERA³ Y
FERNANDA JOSEFINA COLL CÁRDENAS¹**

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata
Buenos Aires, Argentina

² Becaria de la Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires,
Argentina

³ Centro de Investigación y Desarrollo en Criotecnología de Alimentos (CIDCA), Facultad
de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Consejo Nacional de
Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina

mfblanco@fcv.unlp.edu.ar

La carne constituye un medio propicio para el desarrollo de bacterias, resultando fundamental la búsqueda de alternativas que reduzcan su multiplicación. Si bien la refrigeración es el método tradicional de conservación, se puede lograr un efecto adicional aplicando agentes inhibidores. Además, contar con modelos predictivos adecuados permite cuantificar y optimizar dicho efecto. El objetivo de este trabajo fue modelar matemáticamente el desarrollo bacteriano de carnes bovinas tratadas con luz UV-C, aditivos naturales y temperaturas de refrigeración. Se trabajó con 40 cortes de nalga (*Biceps femoris*, pH 5,60), adquiridos en un comercio local, cortados en muestras circulares de 19,62 cm² (n=120), separados en lotes control

(sin tratar) y tratado. Las muestras tratadas se irradiaron con luz UV-C (dosis 0.55 J cm^{-2}) y luego se rociaron con 1 ml de solución (1:1) de ácido láctico (1 %) y aceite esencial de romero (10 %). Todas las muestras se envasaron individualmente con película de polietileno y se almacenaron a 0,4 y 8 °C, durante 20 días. A diferentes tiempos de almacenamiento, se realizaron recuentos de Microorganismos Aerobios (RAM), *Pseudomonas* sp. y enterobacterias, sembrando por duplicado en medios de cultivo específicos. Las cinéticas bacterianas fueron correlacionadas mediante modelos matemáticos (Gompertz y regresión lineal). Asimismo, las velocidades específicas de crecimiento (μ) obtenidas para cada temperatura de almacenamiento se ajustaron con el modelo de Arrhenius. Se observó que a 8 °C tanto las muestras tratadas como los controles presentaron un importante desarrollo bacteriano, siendo modelados mediante la ecuación de Gompertz. A 4 °C, los recuentos finales de *Pseudomonas* sp. de las muestras control fueron 2,33 veces superiores a las tratadas. En tanto, a 0 °C, las enterobacterias presentaron los menores valores de μ ($0.01 \text{ log UFC cm}^{-2} \text{ días}^{-1}$) y las mayores fases de latencia (LPD > 25 días), siendo modeladas mediante regresión lineal. También estas bacterias, en las muestras tratadas demostraron la mayor sensibilidad a los cambios de temperatura al presentar las mayores Energías de activación ($E_a=262,76 \text{ KJ/mol}$). Se puede concluir que el modelado matemático resulta una herramienta útil para predecir el desarrollo bacteriano de las carnes tratadas con los agentes inhibidores empleados (luz UV-C, aditivos naturales y temperaturas de refrigeración).

Palabras clave: modelado matemático, desarrollo bacteriano, carnes bovinas, refrigeración, luz UV-C, aditivos naturales.

Aislamientos en leche de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* provenientes de bovinos seropositivos al test de ELISA

PEDRO SEBASTIÁN SOSA^{1,2}

¹ Centro de Diagnóstico e Investigaciones Veterinarias (CEDIVE), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Chascomús, Buenos Aires, Argentina

² Doctorando de la Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

pedrososa041@gmail.com

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) es el agente etiológico de la paratuberculosis (PTBC); en bovinos produce una ileocolitis granulomatosa crónica, presentando como signos diarreas y pérdida de peso. Su vía de excreción es fecal y láctea, lo que supone un riesgo tanto para terneros como humanos, en los cuales se asocia con la enfermedad de Crohn. El objetivo de este trabajo fue comparar el aislamiento de MAP a partir de leche y de materia fecal. Se tomaron muestras de materia fecal y leche en forma aséptica, de 56 vacas Holando-Argentino positivas a ELISA de PTBC, se descontaminaron mediante doble incubación, según los protocolos utilizados para estos cultivos; los inóculos se sembraron en medio líquido M7H9 con yema de huevo y medio de Herrold, ambos suplementados con micobactina. Se confirmaron los aislamientos mediante PCR punto final del segmento de inserción IS900. El análisis estadístico se realizó con el software R Core Team versión 4.0.2 (2020) calculando el coeficiente de correlación y el test de comparación de proporciones. Se obtuvieron 24 aislamientos de MAP en materia fecal (MAP+MF) y 8 en leche (MAP+L), siendo la proporción 0,429 y 0,143 respectivamente,

todos confirmados mediante PCR punto final. El coeficiente de correlación entre ambos aislamientos fue de 0,162, resultando en un acuerdo insignificante. La proporción de aislamientos MAP+MF es significativamente mayor que la proporción de aislamientos MAP+L ($p= 0,0017$). La proporción de MAP+L con aislamiento MAP+MF fue de 0,208 (5/24), para aislamientos MAP+L y negativos en materia fecal la proporción fue menor (0,094 (3/32)); aun así no existieron diferencias significativas entre ambas proporciones ($p= 0,408$). Podemos concluir que el cultivo en leche individual no sería útil para confirmar la PTBC. El aislamiento MAP+L de 3 individuos sin aislamiento fecal y con serología positiva, fortalece la hipótesis de que la eliminación en leche podría darse en estadios tempranos de la enfermedad, sin eliminación fecal detectable mediante el cultivo, siendo las vacas en este estadio un claro factor de exposición para los terneros, favoreciendo el contagio de la PTBC. Para esclarecer esta hipótesis sería necesario continuar aumentando el número muestral en estudios posteriores.

Palabras clave: paratuberculosis, bovinos, aislamiento en materia fecal, aislamiento en leche.

Estudio comparativo de la susceptibilidad al estrés ácido, oxidativo y sobrevida en macrófagos en aislamientos de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*

MARÍA ALEJANDRA COLOMBATTI OLIVIERI¹, LUISA BERNÁ², MARÍA XIMENA CUERDA¹, MARÍA FIORELLA ALVARADO PINEDO³, MARÍA ISABEL ROMANO¹ Y MARÍA DE LA PAZ SANTANGELO¹

¹ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMo) (INTA-CONICET). Castelar, Buenos Aires, Argentina

² Unidad de Biología Molecular, Instituto Pasteur. Montevideo, Uruguay

³ Centro de Diagnóstico e Investigaciones Veterinarias (CEDIVE), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Chascomús, Buenos Aires, Argentina

colombatti.alejandra@inta.gob.ar

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) es el agente causal de la paratuberculosis. Poco se conoce sobre los factores de virulencia en este patógeno. En un trabajo previo seleccionamos tres cepas, aisladas a partir de bovinos en Argentina, con diferente grado de virulencia en un modelo murino. Realizamos un estudio de genómica comparativa y detectamos una delección de 12 pb en gen *Map_0403* en la cepa de alta virulencia Map 1347. La proteína *Map_0403* es homóloga a *Rv3671c* que está bien caracterizada en *Mycobacterium tuberculosis* fue asociada a protección del estrés ácido y oxidativo que encuentra dentro de los fagosomas en los

macrófagos. Para demostrar el rol de Map_0403 en MAP, y si la mutación encontrada afecta de alguna manera la virulencia, se realizaron ensayos de infección de macrófagos derivados de monocitos bovinos (MDMB) y resistencia a pH ácido y H₂O₂. Se utilizaron las cepas 1347 (alta virulencia), 6611 (alta-mediana virulencia), 1547 (baja virulencia) y la cepa de referencia K-10 (baja virulencia). Se realizaron 2 ensayos de infección de MDMB provenientes de diferentes animales utilizando una multiplicidad de infección (MOI) de 10:1, y se evaluó la sobrevivencia de MAP a los 2, 4 y 6 días post-infección. Por otro lado, se cultivaron a pH 7 y pH 4.5 por 6, 12, 30 y 75 días; y se evaluó la sensibilidad a diferentes concentraciones de H₂O₂ (0, 5, 20 y 50mM) por 3 h de exposición. Se observó que las cepas 1347 y 6611 fueron las que tuvieron mayor sobrevivencia en MDMB y las que tuvieron mayor resistencia al H₂O₂. Con respecto al pH ácido, la cepa 6611 fue la que mostró mayor sensibilidad. La delección en el gen *Map_0403* en la cepa 1347 no afectó la susceptibilidad al estrés ácido y oxidativo, ni a la sobrevivencia en MDMB. Se requieren más estudios para evaluar el rol de este gen en la virulencia de MAP.

Palabras clave: *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*, pH, peróxido de hidrogeno, macrófagos.

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

JAVIER ANÍBAL ORIGLIA¹, GUSTAVO DANERI², FABIANA ALICIA MOREDO¹, ARIEL ROGÉ³, ESPERANZA VARELA² Y GABRIELA ISABEL GIACOBONI¹

¹ Facultad Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Museo Argentino de Ciencias Naturales «Bernardino Rivadavia» (MACN-CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Instituto Nacional de Producción de Biológicos (INPB)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

javieroriglia@yahoo.com

There is little information about the diseases that can affect the Argentine populations of pinnipeds. Salmonellosis has been described in marine mammals of different regions of the world. The aim of this study was to detect the presence of *Salmonella enterica* in pinnipeds that inhabit the marine littoral zone of Río Negro province (Argentina) during the breeding season, the serovars circulation and the antimicrobial susceptibility. In December 2017 and March 2018, faecal samples (n=201) were collected from *Otaria byronia* in three rookeries located on the north coast of the San Matías Gulf (Punta Bermeja n=79, Promontorio Belén n=89 and Caleta de los Loros n=33). Samples were taken with swabs and were kept in Cary Blair transport medium. The isolation was carried out using the traditional bacteriological method (FDA-BAM). Presumptive *Salmonella* colonies were

confirmed by biochemical tests. Isolates identified as *Salmonella enterica* were serotyped by agglutination according to White-Kauffmann-Le Minor scheme. Nine antimicrobials (ampicillin, nalidixic acid, gentamicin, ciprofloxacin, chloramphenicol, tetracycline, trimethoprim-sulfamethoxazole, colistin and fosfomycin) were tested using the disk diffusion method and the cut-off point according to the Clinical and Laboratory Standards Institute M100 ed30 and by the Whonet Argentina network (for colistin). From a total of 201 samples, 14 (7 %) *Salmonella* strains were isolated. Three serovars of *S. enterica* were found: *S. Newport* 11 (79 %) *S. Cerro* 2 (14 %) and *S. Enteritidis* 1 (7 %). Strains were susceptible to all the antimicrobial agents tested. Several *Salmonella* serovars from a variety of pinniped species were described before. *S. Newport* and *S. Cerro* were previously found in *Phocarctos hookeri* from New Zealand and in *Otaria byronia* from Chile. Although all serovars can cause disease in humans, *S. Enteritidis* is one of the most important serovars of *Salmonella* transmitted from animals to humans. This is the first report about *S. Enteritidis* in pinnipeds from South America coasts. This finding warns about new zoonotic agents in these wildlife species.

Palabras clave: *Salmonella enterica*, *Salmonella Enteritidis*, *Otaria byronia*, Patagonia, Argentina.

Aislamiento de cepas de *Bacillus* spp. inhibitorias de patógenos bacterianos causantes de mastitis bovina

**MARÍA FLORENCIA CEROLI¹, MELINA VANESA MOLIVA¹,
SEBASTIÁN FRUTOS¹, LEOPOLDO PALMA² Y ELINA
BEATRIZ REINOSO¹**

¹ Facultad de Ciencias Exactas, Físicoquímicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Universidad Nacional de Villa María (UNVM). Villa María, Córdoba, Argentina

mcerioli@exa.unrc.edu.ar

La mastitis bovina es una enfermedad infecciosa que afecta a las vacas lecheras provocando una reducción en la producción de leche. Para prevenir la enfermedad se utilizan actualmente diferentes procedimientos, como la desinfección de los pezones después del ordeño, el mantenimiento e higiene adecuados del equipo de ordeño, terapia con antibióticos y el sacrificio de animales con infecciones crónicas. Si bien la terapia con antibióticos es eficaz y tiene un impacto positivo en los rebaños lecheros, el uso intensivo favorece la aparición de cepas bacterianas resistentes. Por ello, resulta necesario llevar a cabo la búsqueda de nuevas herramientas que permitan disminuir la dependencia de los antibióticos previniendo, al mismo tiempo, la generación de resistencia a ellos. El suelo es probablemente uno de los ambientes de mayor complejidad microbiológica donde, entre otras, existen diversas especies del género *Bacillus* con actividad antimicrobiana natural. El objetivo de este trabajo fue llevar a cabo el aislamiento y caracterización de cepas de *Bacillus* spp. de muestras de

suelo de tambos, con potencial antibacteriano frente a patógenos causantes de infecciones intramamarias. Se tomaron muestras de 2 suelos de tambos de la cuenca lechera cordobesa y se aislaron 41 cepas, de las cuales 4 fueron identificados como *Bacillus* spp. Estas últimas fueron enfrentadas a patógenos causantes de mastitis bovina como *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus uberis* y *Enterococcus faecium*. Los sobrenadantes del cultivo de cada aislado fueron centrifugados y filtrados a través de membranas de 0,2 μ m para realizar las pruebas de inhibición. Los ensayos mostraron que tres cepas de *Bacillus* spp. produjeron halos de inhibición frente a cepas de *Escherichia coli* y *Enterococcus faecium*. Los resultados obtenidos confirman el potencial antibacteriano de cepas bacterianas precedentes de suelos y son prometedores para el estudio futuro de terapias antibacterianas alternativas en mastitis bovina.

Palabras clave: *Bacillus* spp., mastitis bovina, suelo, actividad antimicrobiana.

Capacidad de invasión y producción de biofilm de diferentes géneros bacterianos aislados de mastitis bovina

MELINA VANESA MOLIVA, NOELIA ANAHÍ CAMPRA,
MARÍA FLORENCIA CEROLI Y ELINA BEATRIZ REINOSO

Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS-CONICET), Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

mmoliva@exa.unrc.edu.ar

La mastitis es la enfermedad infecciosa más común en los rodeos lecheros y es considerada la enfermedad del ganado vacuno que causa mayores pérdidas económicas. Una amplia variedad de bacterias pueden causar la enfermedad. La formación de biofilm, adherencia bacteriana e invasión a los tejidos mamarios del huésped son cruciales para la patogénesis de estos agentes. El objetivo del presente trabajo fue determinar la capacidad de formación *in vitro* del biofilm en cepas de diferentes géneros bacterianos aislados de mastitis bovina en medios suplementados con lactosa, sacarosa, leche descremada y caseína, como así también evaluar la capacidad de adherencia e invasión en células MAC-T. Se utilizaron seis cepas, previamente identificados como *Streptococcus uberis*, *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus coagulasa* negativo, y clasificadas como débil, moderadas y fuertemente productoras de biofilm. Por otro lado, se realizaron ensayos de adherencia e internalización en células MAC-T. Nuestro estudio indica que los sustratos leche descremada y sacarosa parecen tener un efecto positivo en la capacidad para formar biofilm en los géneros

Streptococcus y *Enterococcus*. A diferencia de las cepas de *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus* coagulasa negativo, los cuatro sustratos favorecieron la producción de biofilm, aunque ese aumento no fue significativo para todos los suplementos. Por otro lado, todas las cepas fueron capaces de adherirse a células MAC-T mostrando diferentes niveles. Similarmente, se observaron variados porcentajes de internalización entre las cepas. *S. aureus* mostró el mayor porcentaje de internalización (4,18 %) y fue la cepa más adherente ($2,07 \times 10^7$ UFC/ml). En contraste, *Staphylococcus* coagulasa negativo fue la cepa que mostró los niveles más bajos tanto de internalización como de adherencia (0,06 % y $8,0 \times 10^5$ UFC/ml, respectivamente). Los otros dos géneros bacterianos presentaron valores intermedios, aunque no siempre arrojaron diferencias estadísticamente significativas. Nuestros resultados demuestran que todas las especies ensayadas fueron capaces de adherir e internalizar células MAC-T y de formar biofilm en diferente grado. Sin embargo, los efectos de los diferentes factores parecen variar entre las cepas de un mismo género. Los resultados del presente estudio proporcionan nuevos conocimientos sobre la capacidad de producción de biofilm y la invasividad de diferentes patógenos causantes de mastitis bovina.

Palabras clave: patógenos bacterianos, mastitis, biofilm, células MAC-T.

Evaluación de cepas de *Escherichia coli* productora de toxina shiga y *Escherichia coli* enteropatógena sometidas a condiciones de estrés en arena

MARIANA SANIN, ROCÍO BELÉN DE LA CUESTA, MARÍA EUGENIA SPEICHER MUJICA CLEMENS, SANDRA LORENA VASQUEZ PINOCHET, ADRIANA BENTANCOR Y XIMENA BLANCO CRIVELLI

Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

xblancocrivelli@fvet.uba.ar

Escherichia coli shigatoxigénico (STEC) y *E. coli* enteropatógeno (EPEC) constituyen patovares de *E. coli* que pueden causar diarrea infantil potencialmente mortal. Los objetivos del presente trabajo fueron: **i)** estudiar la persistencia de cepas STEC y EPEC en una matriz de arena sometida a condiciones ambientales estresantes (sequedad); **ii)** detectar la presencia de STEC y EPEC en areneros de jardines de infantes. **i)** Se generaron suspensiones equivalentes a 1 McF (STEC O157:H7 y O145:NM, dos cepas EPEC atípicas y *E. coli* NCTC12900 control negativo). Cada matriz, 10 gr de arena, fue inoculada con 10 ml de suspensión bacteriana. La mezcla a 37 °C arena:suspensión se evaluó diariamente mediante su deshidratación (pesaje), viabilidad y curva de muerte (cuenta viable). Cuando se estableció la muerte, se utilizaron caldos para resucitar la cepa desde la matriz y se clasificó como viable no cultivable (VNC) de obtener turbidez. Se constató la duración de dicho estado diariamente. Se verificó identidad y

patogenicidad mediante PCR de *uidA*, *stx1/stx2* y *eae*. La curva de muerte de STEC O157:H7 alcanzó 7-11 ds, no se detectó VNC. En O145:NM se registró muerte al día 17 y permaneció hasta el día 44 como VNC. En forma similar la curva de muerte en ambas cepas EPEC fue hasta el día 16, y solo la cepa O88:H25 sobrevivió como VNC por 2 días. El control negativo fue viable hasta el día 5, y permaneció VNC hasta el día 44. Se verificó identidad y presencia de genes de virulencia en todas las cepas durante la curva de muerte, y en el estadio VNC. **ii)** Se realizó un ensayo evaluando 12 areneros de jardines de infantes de la ciudad Tandil. Para cada uno se tomaron 6 muestras de 200g: en 2 puntos de muestreo (centro y periferia) y 3 estratos (superficie, a 5 cm y a 15 cm de profundidad). Se cultivó cada muestra en CTS y se analizó la presencia de STEC y EPEC por PCR (*stx1/stx2/rfbO157/eae*). Un total de 4/12 areneros resultaron positivos a EPEC, incluyendo EPEC O157. Los resultados obtenidos permiten considerar el riesgo que constituye la arena seca como fuente de infección de STEC y EPEC.

Palabras clave: STEC, EPEC, arena.

Hallazgo de *Leptospira borgpetersenii* en ciervo de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*)

MARÍA MARCELA OROZCO^{1,2}, HERNÁN DARÍO ARGIBAY³,
ARIEL GASTÓN NAGEL⁴, GEORGINA SIGNORELLI NUÑEZ⁴ Y
KARINA CAIMI⁴

¹ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA-CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Instituto Gonçalo Moniz, Fundação Oswaldo Cruz. San Salvador, Brasil

⁴ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) (INTA-CONICET). Castelar, Buenos Aires, Argentina

marcelaorozco.vet@gmail.com

La leptospirosis es una zoonosis reemergente ampliamente extendida causada por bacterias pertenecientes al género *Leptospira*. Los animales silvestres pueden padecer la enfermedad y actuar como reservorios de la bacteria, cuya principal vía de transmisión es el agua. El ciervo de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*) es un cérvido nativo dependiente de humedales que se distribuye en el corredor fluvial Paraná-Paraguay y áreas de influencia. Durante la última década sus poblaciones atravesaron episodios de mortalidad de origen multifactorial. Dado que los humedales constituyen escenarios propicios para la transmisión de *Leptospira*, investigamos la ocurrencia de este agente en ciervos hallados muertos entre 2015 y 2017 en Corrientes y Bajo Delta. Se obtuvieron muestras de orina y/o riñón de 14 animales. Para ambos tipos de muestra se utilizaron dos

alícuotas, que se procesaron tanto para extracción de ADN y posterior caracterización molecular como para aislamiento. A partir de los ADN obtenidos se realizó la caracterización a nivel de especie mediante amplificación por PCR del gen 16S rARN. El procesamiento de las muestras para aislamiento se realizó sembrando una alícuota de orina y diluciones seriadas de macerados de los riñones en medio semisólido EMJH adicionado con 5-fluorouracilo. El 14 % de las muestras (2/14) fueron positivas por PCR, en un caso a partir de orina y en el otro de riñón. Respecto de los aislamientos, el porcentaje de recuperación fue de 7 % (1/14) en la muestra positiva de riñón. La secuenciación del gen 16S rRNA determinó que en ambos casos la especie identificada fue *Leptospira borgpetersenii*. Este estudio nos permitió identificar y aislar por primera vez en Argentina *L. borgpetersenii* a partir de tejidos de ciervos de los pantanos. *Leptospira borgpetersenii* se encuentra exclusivamente en el hospedador, generalmente en bovinos, habiendo perdido su capacidad de replicarse en el ambiente. Estos resultados abren un nuevo interrogante acerca de la diseminación de esta bacteria en poblaciones de fauna silvestre y las posibilidades de transmisión al humano, y evidencian la importancia de implementar de rutina los aislamientos en muestras de animales silvestres a fin de incrementar el conocimiento epidemiológico de esta bacteria y su implicancia en la vida silvestre.

Palabras clave: *Leptospira borgpetersenii*, *Blastocerus dichotomus*, zoonosis, humedales.

Meta-análisis de infección con *Leptospira* en gatos domésticos

TAMARA RICARDO^{1,2}, MARÍA JULIETA LOVERA² Y MARÍA ANDREA PREVITALI^{1,2}

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Santa Fe, Argentina

² Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Santa Fe, Argentina

tamararicardo83@gmail.com

La leptospirosis es una zoonosis causada por bacterias del género *Leptospira*, cuyos principales hospedadores son ratas, perros y ganado. El rol de los gatos domésticos (*Felis catus*) en la transmisión es menos claro, considerándose factores de protección por sus hábitos de caza, aunque también pueden desarrollar infecciones y excretar leptospiros. El objetivo de este trabajo fue obtener una estimación global de la prevalencia de infección con *Leptospira* en gatos domésticos e identificar posibles factores asociados. Se buscaron estudios observacionales publicados entre 1990 y 2020 en las bases PubMed, PMC, Scopus y Dimensions. Se ajustaron modelos de meta-análisis con efectos aleatorios para evaluar prevalencia por región geográfica, test de diagnóstico y origen del animal (domiciliado, refugio, callejero), prevalencia por serogrupo y *odds-ratio* de factores asociados. Analizamos 78 estudios publicados en 48 artículos, provenientes de 25 países y 6 regiones geográficas. La prevalencia global estimada fue del 7,7 % (5,7-10,3 %) con alta heterogeneidad (>75 %) y presencia de sesgo de publicación. La prevalencia de las infecciones con leptospiros en gatos de América Latina fue de 3,3 % (2-

5,6 %), significativamente menor que en las demás regiones ($P=0,003$). No se observaron diferencias significativas por test diagnóstico ($P>0,05$) ni entre los serogrupos más frecuentes de los animales seropositivos, ($P>0,05$, TABLA 1). Si bien no se encontraron diferencias significativas según el origen ($P>0,05$), se encontró que el acceso a la calle aumenta unas 4 veces las probabilidades de infección (OR: 3,96, 95 % IC: 2,34-6,71). Si bien la prevalencia global de infecciones con *Leptospira* en gatos es menor que la encontrada en perros en un análisis similar (18,5 %), resulta relevante considerar a estos animales como hospedadores de la bacteria y evaluar su rol en la transmisión.

Serogrupo	k	Prev. (95 % IC)	I ²
Icterohaemorrhagiae	19	19 % (13-26,8 %)	48,9 %
Pomona	19	30,5 % (16,7-49 %)	81,4 %
Australis	16	33,5 % (18,8-52,3 %)	80,4 %
Sejroe	12	16,8 % (8,5-30,4 %)	68,3 %
Grippotyphosa	12	19,1 % (9,5-34,7 %)	81,9 %
Autumnalis	10	20,6 % (10,9-35,4 %)	60,6 %
Ballum	10	23,4 % (12,8-38,8 %)	0 %
Bataviae	8	31,4 % (14,5-56,3 %)	76,5 %
Canicola	8	7,4 % (2,6-19,8 %)	86,6 %

TABLA 1. Prevalencia de los serogrupos más frecuentes en gatos seropositivos a *Leptospira*

k : número de estudios, I²: heterogeneidad estadística

Palabras clave: *Leptospira*, Epidemiología, *Felis catus*.

Evaluación por ELISA en leche para la detección de anticuerpos frente a *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*

**SILVINA TIERI¹, KARINA MARIELA CIRONE^{1,2}, CLAUDIA
GRACIELA MORSELLA¹, LUIS ALBERTO MÉNDEZ¹ Y
FERNANDO ALBERTO PAOLICCHI²**

¹ Laboratorio de Bacteriología, Área Producción Animal, Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (EEA-INTA Balcarce). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

² Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

tieri.silvina@inta.gob.ar

Mycobacterium avium subsp. *paratuberculosis* (MAP) es el agente causal de la paratuberculosis (PTBC). Afecta a rumiantes domésticos y especies silvestres causando enteritis granulomatosa. La prueba más utilizada para su diagnóstico es el ELISA (*Enzyme-linked ImmunoSorbent Assay*) debido a su bajo costo y rápido tiempo de procesamiento, aunque la sensibilidad depende del estadio clínico del animal. El objetivo de este estudio fue comparar las características operativas de dos ELISA de leche (ELISA 1, *in house* utilizando el antígeno PPA-3 y ELISA 2, kit comercial [ID Screen® Paratuberculosis Indirect-IDVet, Francia]) en rebaños lecheros con evidencia clínica de PTBC. Se obtuvieron 357 muestras de materia fecal y leche de bovinos holando-argentino pertenecientes a tres establecimientos ubicados en la provincia de Buenos Aires, Argentina. Se determinó la densidad óptica a 405 nm, se calculó el porcentaje de positividad (%P) y a partir

de estos se generaron diagramas de dispersión. La comparación y análisis de la concordancia entre ambas técnicas se realizó mediante el índice Gwet. Utilizando el ELISA 1 se obtuvieron 279 positivos y 78 negativos; con el ELISA 2, 96 positivos y 261 negativos con un punto de corte del 15 %P (según recomendaciones del fabricante). El análisis de concordancia obtuvo un índice de -0,123 correspondiente a un nivel pobre de concordancia entre ambos ELISA. Se calcularon nuevos puntos de corte mediante el análisis de curva ROC, utilizando el cultivo fecal como técnica de referencia, siendo 40,5 %P para el ELISA 1 y 21,61 %P para el ELISA 2. La sensibilidad y especificidad para el ELISA 1 fue 64 % y 69 % respectivamente y para el ELISA 2, 64 % y 80 %. Con el punto de corte calculado para el ELISA 1, 114 muestras fueron positivas y 243 negativas. Asimismo, con el punto de corte optimizado para el ELISA 2 se obtuvieron 74 positivos y 283 negativos. El índice de concordancia fue de 0,54 traduciéndose como moderado. Con los puntos de corte optimizados, la concordancia entre las técnicas mejoró. Estos resultados muestran la importancia de optimizar los valores de corte para diferentes regiones dependiendo de la etapa de la infección y el nivel de prevalencia de PTBC de la región.

Palabras clave: MAP, PTBC, ELISA, leche.

Diagnóstico molecular en ratas portadoras de *Corynebacterium kutscheri* a través de hisopados orofaríngeos

**MARÍA FLORENCIA FONTES GARRÉ, SERGIO ROCHA,
MARIELA SANTOS Y MARTÍN BREIJO**

Unidad de Reactivos y Biomodelos de Experimentación, Facultad de Medicina,
Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

f.fontesgarre@gmail.com

Corynebacterium kutscheri es un bacilo grampositivo, aeróbico y no móvil que, si bien ha sido encontrado como patógeno primario en ratas y ratones, mayormente es una infección subclínica que, frente a situaciones de estrés, deficiencias nutricionales, manipulación experimental o enfermedades inmunosupresoras, induce una enfermedad clínica. Los signos clínicos de la enfermedad se asocian con disnea, pérdida de peso, postura antiálgica y cromodiarrea. La vía de transmisión es principalmente a través de la ruta fecal-oral. El principal hallazgo anatomopatológico de la infección por *C. kutscheri* es la presencia de nódulos grisáceos con contenido caseoso. En ratas, estos nódulos se pueden encontrar en pulmones, hígado o riñones. Los bacilos pueden ser aislados cultivándolos en agar sangre y su identificación primaria se realiza por la técnica de Gram. Su confirmación es por PCR convencional o secuenciación de la región 16S. A partir de una rata Wistar con sintomatología respiratoria del bioterio convencional de la Unidad de Reactivos y Biomodelos de Experimentación de Facultad de Medicina, se aisló *C. kutscheri* de un

nódulo pulmonar, y fue enviado a secuenciar a Macrogen-Korea para su confirmación. A la cepa aislada se le extrajo ADN y la misma fue conservada a -20 °C para futuros cultivos. Con el objetivo de desarrollar una metodología rápida de *screening* de animales portadores del patógeno, se puso a punto la técnica de PCR convencional a partir de los primers descritos por JEONG y col. en el 2013 y se evaluaron dos tipos diferentes de muestras de animales (protocolo 070153-000881-20 aprobado por CHEA): a) hisopados orofaríngeos; b) heces frescas. Como control positivo se utilizó ADN de *C. kutscheri* y como control negativo se utilizaron muestras de heces e hisopados de ratas del área SPF de la Unidad. Los resultados demostraron que de los cuatro animales positivos detectados por PCR convencional a partir de muestras de hisopados orofaríngeos, solo dos fueron positivos a partir de las muestras de heces. En el presente trabajo se desarrolló una técnica rápida de evaluación *in vivo* de portadores de *C. kutscheri* en colonias de roedores que permite el control y monitoreo sanitario de los animales de laboratorio.

Palabras clave: ratas, *Corynebacterium kutscheri*, PCR, hisopado, control.

Primera detección de *Rickettsia asembonensis* en *Ctenocephalides felis felis* en Argentina

Un estudio epidemiológico en pulgas de animales de compañía y sinantrópicos en el triffinio del Noreste argentino

MARA URDAPILLETA¹, DANIELA LAMATTINA¹, ANGÉLICA DEL ROSARIO PECH MAY¹, ELIANA FLORENCIA BURGOS¹, DARÍO EMMANUEL BALCAZAR², WALTER ANTONIO OSCAR FERRARI³, MAGALÍ GABRIELA GIULIANI¹, MICAELA CORTÉS¹, MARÍA BELÉN MEICHTRY¹, OSCAR DANIEL SALOMÓN¹ Y MARCELA LARESCHI²

¹ Instituto Nacional de Medicina Tropical (INMeT) (ANLIS-CONICET). Misiones, Argentina

² Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores (CEPAVE) (CONICET-UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Instituto de Biotecnología Ambiental y Salud (INBIAS) (CONICET-UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

bupamara@gmail.com

Las rickettsiosis son enfermedades zoonóticas causadas por bacterias del género *Rickettsia* y transmitidas a humanos por medio de artrópodos vectores. En este sentido, las pulgas son importantes en salud pública debido a su rol como parásitos y como vectores de bacterias patógenas. *Rickettsia typhi* y *Rickettsia felis* son agentes causantes del tifus murino y de la fiebre maculosa, respectivamente. Ambas han sido notificadas como rickettsiosis humanas emergentes en todo el mundo, siendo las pulgas *Xenopsylla cheopis* y

Ctenocephalides felis felis los vectores y reservorios primarios, respectivamente. Si bien se conoce el rol vectorial de muchas especies de pulgas, de otras se desconoce como consecuencia de la escasez de estudios ecológicos y epidemiológicos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la diversidad, abundancia y prevalencia de pulgas y la presencia de *Rickettsia* spp. en estos insectos, en el trfinio del noreste argentino. Se obtuvieron pulgas de animales de compañía, de comadreas y roedores sinantrópicos de zonas urbanas y periurbanas de Puerto Iguazú. Los insectos se determinaron taxonómicamente como *C. f. felis*, *Polygenis (P.) rimatus*, *Adoratopsylla (Adoratopsylla) antiquorum antiquorum* y *Adoratopsylla (Tritopsylla) intermedia intermedia* y se analizaron 277 pulgas en 106 pools mediante PCR dirigida a los genes *gltA* y *ompB* de *Rickettsia* spp. El estudio reveló que *C. f. felis* es dominante en perros, gatos y comadreas, con mayor prevalencia en la zona periurbana (P=75,16 %). Los índices de Shannon-Wiener y Morisita-Horn expresaron diferentes valores de diversidad y similitud de las abundancias absolutas de las especies entre las zonas comparadas. Las amplificaciones de ADN revelaron una prevalencia mínima de 31,04 % de *C. f. felis* positivos para *Rickettsia* spp. El análisis filogenético mostró que el haplotipo obtenido fue idéntico al de *Rickettsia asembonensis* de Perú y Brasil. Esta es la primera detección de *R. asembonensis* en *C. f. felis* en Argentina. Se destaca la importancia de realizar investigaciones desde la perspectiva de «Una Salud» sobre el rol de comadreas y roedores en la integración de los ciclos de transmisión de rickettsias en ambientes de interfaz entre humanos, animales domésticos, sinantrópicos y fauna silvestre, con el fin de vigilar posibles enfermedades emergentes.

Palabras clave: *Rickettsia asembonensis*, Siphonaptera, animales de compañía, animales sinantrópicos, Puerto Iguazú, Argentina.

Levaduras aisladas de kéfir de agua: potencial probiótico y su efecto sobre *Paenibacillus larvae*

MARÍA AGUSTINA RODRÍGUEZ^{1,2}, MARINA LUCÍA DÍAZ^{3,4},
LETICIA ANDREA FERNÁNDEZ^{2,3,5} Y FRANCISCO JOSÉ
REYNALDI^{5,6}

¹ Comisión de Investigaciones Científicas de la provincia de Buenos Aires (CIC). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Estudios Apícolas (LabEA), Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS). Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina

³ Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS). Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina

⁴ Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS) (CONICET-UNS). Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina

⁵ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁶ Centro de Microbiología Básica y Aplicada (CEMIBA), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

agustina.rodriguez@cyt.cic.gba.gob.ar

Paenibacillus larvae es una bacteria esporulada causante de loque americana en larvas de abejas. Una alternativa natural al uso de antibióticos son los probióticos. En este trabajo se evaluó el efecto sobre *P. larvae* de sustancias solubles liberadas por levaduras aisladas de kéfir de agua para utilizarlas como probióticos para abejas (*Apis mellifera* L.). Se trabajó con diluciones decimales y siembra en medio Hongos y Levaduras (25 °C, aerobiosis) para aislar levaduras. Los aislamientos fueron centrifugados (5 min, 12000 rpm). Los sobrenadantes fueron evaluados frente a una cepa de colección de *P.*

larvae (UB-CIDEFI PL105) y tres aislamientos de Bahía Blanca (AR1, AR2, LF1), utilizando la técnica de difusión en agar en medio MYPGP e incubación a 37 °C en aerobiosis. Se examinó la presencia de halos de inhibición de *P. larvae* a 48 y 72 h. Los aislamientos con mayor actividad inhibitoria fueron evaluados mediante pruebas probióticas: tolerancia a pH ácido (3, 4, 5), concentraciones de NaCl (2; 4; 6,5; 10 %), diferentes temperaturas (10, 35 y 40 °C) y tolerancia osmótica (30, 50, 70 % jarabe). Se obtuvieron 24 aislamientos a partir de kéfir fermentado 48 h. Aquellos con distinta morfología fueron caracterizados molecularmente mediante la secuenciación de la región nuclear ITS. Los resultados de actividad inhibitoria fueron clasificados como: buena inhibición (5-7 mm); muy buena (7-9 mm); excelente (9-20 mm). Frente a UB-CIDEFI PL105: 3 no inhibieron; 6 presentaron buena inhibición; 7 muy buena. Frente a AR1: 6 muy buena; 18 excelente. Frente a AR2: 2 buena; 14 muy buena; 8 excelente. Frente a LF1: 6 buena; 7 muy buena; 11 excelente. Los resultados del potencial probiótico fueron: un aislamiento resistió a pH 3 y todos a pH 4 y 5; todos resistieron las concentraciones de NaCl, durante 24 y 72 h; toleraron las tres concentraciones de jarabe durante 72 h; crecieron a 10 °C, a 35 °C presentaron mayor crecimiento y no crecieron a 45 °C. Las levaduras tuvieron una identidad del 98,59-99,88 % con *Saccharomyces cerevisiae* (CP046092.1). Estos ensayos permitieron aislar levaduras del kéfir con excelente potencial probiótico y capacidad inhibitoria frente a *P. larvae*.

Palabras clave: *Paenibacillus larvae*, *Apis mellifera*, probióticos, kéfir, *Saccharomyces cerevisiae*.

Efecto de probióticos en cachorros caninos con gastroenteritis

ROSA ALEJANDRA MOLINA², MARCELA ADRIANA D'URSO VILLAR³, MARÍA HORTENSIA MIRANDA¹, NATALIA CECILIA MALDONADO¹, GRACIELA MARGARITA VIGNOLO¹ Y MARÍA ELENA FÁTIMA NADER MACÍAS¹

¹ Centro de Referencia para Lactobacilos (CERELA-CONICET). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

² Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán (UNT). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

³ Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Tucumán (UNT). San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina

fnader@cerela.org.ar

Las gastroenteritis en cachorros lideran la casuística en las clínicas veterinarias. Las fórmulas probióticas conteniendo microorganismos benéficos podrían ser una alternativa novedosa para su prevención y tratamiento, y a la vez reconstituir el microbioma gastrointestinal de las mascotas. Los probióticos son microorganismos vivos que se administran en cantidades adecuadas y ejercen un efecto fisiológico benéfico sobre la salud del hospedador. En este trabajo se evaluó el efecto de una fórmula probiótica conteniendo cuatro cepas de bacterias lácticas seleccionadas por sus propiedades benéficas y administrada por vía oral. Se consideraron parámetros clínicos, síntomas gastrointestinales y grado de recuperación de cachorros caninos con gastroenteritis. Se realizó un ensayo doble ciego, aleatorizado, con 120 cachorros de 1 a 4 meses de edad, distribuidos al azar en dos grupos: tratados (n=60) y control (n=60). Las cápsulas

conteniendo la mezcla de lactobacilos liofilizados (1×10^8 UFC) o placebo se administraron durante 7 días consecutivos. En animales con signos clínicos de diarrea (consentimiento informado de los dueños) se registraron, al ingreso del protocolo de experiencia y al día 7, datos generales (peso, sexo, calidad de dieta, plan de vacunas), estado clínico (temperatura, grado de deshidratación, condición general) y características de la materia fecal (consistencia, examen parasitológico y cuantificación de diferentes grupos de bacterias cultivables). Se aplicó terapia convencional (antibióticos, fluidos, antiparasitarios) según la gravedad de los síntomas a todos los cachorros. Los resultados no mostraron diferencias significativas en las características del grupo tratado y control en el ingreso al protocolo (edad, peso, sexo, antecedentes previos, examen parasitológico). Se observaron diferencias estadísticamente significativas en la mejora clínica de los animales tratados, reversión más rápida de los síntomas, disminución de los días de convalecencia, materia fecal más consistente, e incremento en el número de bacterias lácticas cultivables; algunos resultados fueron más notorios en los animales de menor peso. No se registraron diferencias significativas en el número de decesos, ni en los niveles de microorganismos totales cultivables, enterococos y enterobacterias. Los probióticos por vía oral evidencian un efecto benéfico en cachorros caninos con gastroenteritis; se sugiere evaluar tiempos más prolongados de administración y profundizar en el conocimiento de su mecanismo de acción.

Palabras clave: lactobacilos probióticos, cápsulas orales, cachorros caninos, gastroenteritis, recuperación.

Bacteriological resolve of pyoderma associated with canine demodicosis without antibiotic/antiseptic therapy

**SOFÍA MARTÍNEZ^{1,2,4}, CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{3,4,5},
FERNANDO ADRIÁN FOGEL¹, MARÍA LAURA MATÉ^{2,4,6},
SERGIO SÁNCHEZ BRUNI^{2,4,6} Y MARÍA JOSÉ DEL SOLE^{1,2,4}**

¹ Hospital Escuela de Pequeños Animales (HEPA), Departamento de Clínica, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). La Plata, Buenos Aires, Argentina

⁴ Centro de Investigación Veterinaria Tandil (CIVETAN) (CIC-CONICET-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental (CIVETAN-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁶ Laboratorio de Farmacología (CIVETAN-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

sofia-m@vet.unicen.edu.ar

Generalized canine demodicosis is a disease caused by *Demodex* spp. commonly associated with infection by *Staphylococcus* spp., normal inhabitants of dogs skin. Both microorganisms proliferate within the hair follicles causing folliculitis and furunculosis. In the past, systemic antibiotic therapy was supported for all dogs with secondary bacterial infection. Nowadays, as the incidence of skin infections with multi-resistant bacteria is increasing, a judicious use of systemic antibiotics is recommended. Thus, the Clinical Practice Guidelines on Demodicosis Treatment (2020) recommends topical antibiotic therapy in dogs with generalized demodicosis up to 1-2 weeks after clinical and

cytologic resolution of the skin infection. The main objective of this study was to evaluate the clinical and bacteriological cure of dogs with generalized demodicosis treated exclusively with miticidal, without antibiotic or antiseptic therapy. For this purpose, 4 patients with pustular demodicosis diagnosed by skin scraping and cytology were admitted for their attention at the Teaching Hospital of Small Animals (HEPA). On day 0, the animals were evaluated by a clinical score and skin bacteria samples were obtained by swabs from lesions. Then, patients initiated a non-antibiotic treatment as follows: 2 dogs were treated with afoxolaner 2.7-6.9 mg/kg on day 0 and day 28, and 2 dogs were treated with oral ivermectin at a dose of 0.5 mg/kg/24 h for 63 days. On days 14, 35 and 56 post-treatment, clinical scores were recorded and cytology samples and swabs from skin lesions were obtained. Sample swabs were stored in Stuart medium up to overnight growth on Tryptic Soy Agar medium supplemented with 10 % sterile bovine blood. Bacterial strain phenotypic identification was performed by conventional biochemical techniques. Clinical score decreased considerably throughout the treatment as shown in [TABLE 1](#). *Staphylococcus* spp. was isolated from skin samples in all dogs on days 0 and 14 post treatment. However, the cultures became negative in three of four dogs at day 35, and the same in all dogs at day 56 post-treatment. In conclusion, these preliminary results propose that pyoderma associated with canine demodicosis could be clinically, cytologically and bacteriologically resolved by a single miticidal therapy, avoiding systemic antibiotics.

<i>Pacient</i>	<i>Miticidal treatment</i>	<i>Treatment day</i>	<i>Clinical score</i>
HC 347	IVM	0	40
		14	37
		35	16
		56	4
HC 347	AFX	0	35
		14	33
		35	15
		56	3
HC 412	IVM	0	38
		14	31
		35	16
		56	14
HC 421	AFX	0	40
		14	39
		35	10
		56	3

Table 1. Clinical score throughout the miticidal treatment. IVM: ivermectin. AFX: afoxolaner.

Keywords: dogs, demodicosis, *Staphylococcus* spp., antibiotic therapy.

Caracterización molecular de aislamientos de *Brucella canis* en la provincia de Buenos Aires

ANA PAOLA MICELI, CECILIA LAURA DI LORENZO, ANA BELÉN SCUFFI Y LUCÍA ARGENIO

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

cdilorenzo57@gmail.com

Las cepas de *Brucella canis* (*B. canis*) son clasificadas dentro de dos grupos, Grupo 1 y Grupo 2, de acuerdo a la presencia o ausencia de una delección de 794 pb en el gen del polisacárido desacetilasa, respectivamente (KOYLASS *et al.*, 2010). El objetivo del trabajo fue determinar el genotipo de los aislamientos de *Brucella canis* predominante en la provincia de Buenos Aires, a partir de 39 aislamientos de *B. canis* provenientes de infecciones naturales, los que fueron analizados por tres reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) simple, empleando 3 pares de cebadores, de los 8 descritos por GARCÍA YOLDI *et al.* (2006). El primer par de cebadores utilizado fue el específico de género BMEI10987f y BMEI10987r, que amplificó un fragmento de 152 pb en todas las especies de *Brucella* excepto *B. neotomae*. El segundo par consistió en los cebadores BR00953f y BR0953r, que amplificaron un fragmento de 272 pb en *B. canis*, *B. suis* y *B. neotomae*. El último par fue el BMEI1436f y el BMEI1435r específicos de especie, que amplifican un fragmento de 794 pb en *B. suis*, pero no en *B. canis* ATCC 23365. Todos los aislamientos amplificaron los fragmentos de 152, 272 y 794 pb indicando que pertenecen al Grupo 2. Este estudio presenta evidencia sólida para

clasificar las cepas de *Brucella canis* aisladas en Buenos Aires (Argentina) en el Grupo 2. Este estudio molecular de *B. canis* en Argentina puede ser el inicio de la caracterización de la dinámica epidemiológica y clínica de la infección en el país.

Palabras clave: *B. canis*, genotipos, Argentina.

Descripción de un caso de paratuberculosis caprina juvenil en Argentina

GABRIELA VIRGINIA SANDOVAL¹, MARÍA ANDREA FIORENTINO², CLAUDIA GRACIELA MORSELLA², LUIS ALBERTO MÉNDEZ², VALERIA SOLEDAD SALAZAR², BRENDA VASINI ROSELL², AGUSTÍN AVELLANEDA¹, LAURA SABRINA AGUIRRE¹, DIEGO M. MEDINA¹, FERNANDO ALBERTO PAOLICCHI² Y JUAN FRANCISCO MICHELOUD¹

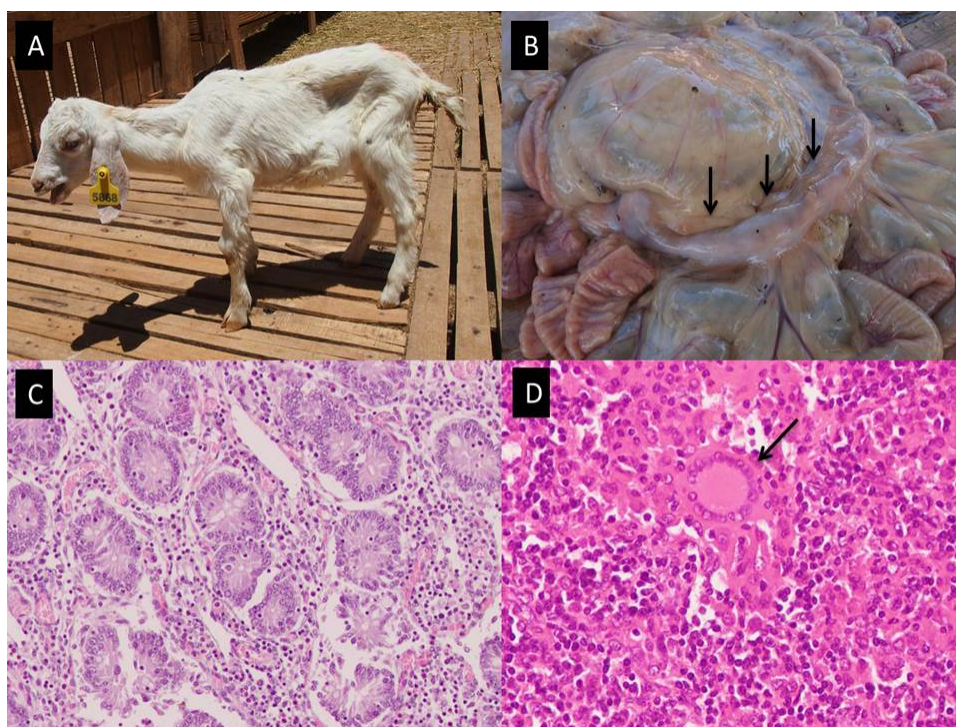
¹ Área de Investigación en Salud Animal, Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (IIACS-CIAP). Salta, Argentina

² Laboratorio de Bacteriología, Grupo de Sanidad Animal, Unidad Integrada Balcarce (INTA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina

sandoval.virginia@inta.gob.ar

La paratuberculosis (PTBC) es una enfermedad crónica causada por *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) que puede afectar a varias especies de rumiantes, entre ellos los caprinos, ocasionando importantes pérdidas productivas. Normalmente, las cabras se infectan a edad temprana manifestando la enfermedad entre los 2 y 5 años, siendo infrecuentes los casos clínicos en animales jóvenes. Este trabajo describe un caso de PTBC clínica en un cabrito sannén de 50 días de edad (FIGURA A). El problema ocurrió en un tambo caprino ubicado en Huacalera (Jujuy, Argentina) donde se identificó, en la guachera y recría de animales, cuadros de pérdida de peso, debilidad y diarrea. Se efectuó la necropsia, colectándose muestras de materia fecal, linfonodos mesentéricos e intestino para

estudios bacteriológicos e histopatológicos. De dichas muestras se realizó frotis y tinción con Ziehl-Neelsen, posteriormente fueron cultivadas en medio Herrold con y sin micobactina J. A la necropsia se identificó leve enteritis granulomatosa difusa segmental y linfadenomegalia generalizada de los ganglios mesentéricos (FIGURA B). La histopatología reveló la presencia de infiltración granulomatosa difusa con células gigantes de Langhans en los linfonódulos (FIGURA D). En intestino las lesiones inflamatorias se limitaban a un infiltrado linfoplasmocítico en el compartimento proliferativo de la mucosa (FIGURA C).



No se identificó la presencia de bacterias ácido-alcohol resistentes mediante la tinción de Ziehl-Neelsen. El cultivo de linfonódulo mesentérico en medio Herrold, con micobactina J evidenció el crecimiento de colonias compatibles con MAP, confirmándose su presencia por PCR *IS900*. El cultivo bacteriológico sumado a los

hallazgos clínicos y patológicos confirman el diagnóstico de PTBC juvenil en el cabrito. Si bien hay antecedentes de PTBC caprina en Argentina no hay descripciones en esta categoría. Casos similares solamente están descriptos en India, en cabritos infectados con MAP (cepa Bison-Type) desde los 15 días de edad. Aislamientos tan tempranos de MAP sugieren el desarrollo intrauterino de la enfermedad, aunque hasta la fecha no hay reportes que confirmen esta vía de transmisión en caprinos. Los hallazgos del presente trabajo resaltan la importancia de considerar la PTBC en casos de pérdida de peso progresiva en cabritos de pocos meses de vida.

Palabras clave: enfermedad de Johne, cabras, transmisión intrauterina.

Transmisión de *Anaplasma marginale* por la garrapata *Amblyomma tonelliae*

**MATILDE NAHIMÉ MAZZUCCO PANIZZA¹, PEDRO AGUSTÍN
VIDOSA², EVELINA TARRAGONA¹, PATRICK STEPHAN
SEBASTIAN¹, FERNANDO S. FLORES³ Y SANTIAGO NAVA¹**

¹ Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICaL) (INTA-CONICET). Rafaela, Santa Fe, Argentina

² Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

³ Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral (UNL-CONICET). Esperanza, Santa Fe, Argentina

mazzuccopanizza.m@inta.gob.ar

La anaplasmosis bovina es una enfermedad infecciosa, causada por la bacteria *Anaplasma marginale* que provoca un impacto económico negativo en la ganadería argentina. *A. marginale* puede ser transmitida por dípteros hematófagos, fómites con sangre contaminada, garrapatas o vía transplacentaria. En la actualidad, el rol de las garrapatas del género *Amblyomma* que parasitan a bovinos en la transmisión de *A. marginale* es desconocido. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la transmisión transestadial y transovárica de *A. marginale* en la garrapata *Amblyomma tonelliae*. Se alimentaron larvas, ninfas y adultos de *A. tonelliae* en un ternero inoculado con la cepa SIP de *A. marginale*, originaria de la provincia de Salta. Finalizado el periodo de alimentación, una alícuota de garrapatas fue analizada por PCR para verificar la ingestión de *A. marginale*. El resto de los ejemplares fue llevado a incubadora para permitir los procesos de muda y oviposición. Una alícuota de ninfas (40 *pooles* de 2 ninfas cada uno) y 28 adultos, resultantes del proceso de muda, fue

analizada por PCR tiempo real para la amplificación del gen 16S ARNr de bacterias de la familia *Anaplasmataceae*. El resto de las ninfas y adultos obtenidos se alimentaron sobre terneros susceptibles esplenectomizados. Durante 90 días se realizaron pruebas de observación directa (extendido sanguíneo coloreado con Giemsa), serológicas (ELISA) y moleculares (PCR anidada del gen *msp1b* para *A. marginale*), a fin de detectar la presencia del microorganismo en los terneros. El mismo procedimiento se empleó con larvas para evaluar transmisión transovárica. Los resultados positivos de PCR para los estadios alimentados en el ternero infectado confirmaron la ingestión del microorganismo por parte de las garrapatas. Del total de larvas, ninfas y adultos obtenidos, 1/40 *pooles* de ninfas resultó positivo, mientras que el resto de los estadios resultaron negativos. Los análisis realizados en los terneros susceptibles durante el monitoreo resultaron negativos. Si bien *A. tonelliae* no fue capaz de transmitir la cepa S1P de *A. marginale*, la amplificación de ADN bacterial en una de las muestras de garrapatas analizadas, sumado a antecedentes bibliográficos, motiva a investigar sobre la transmisibilidad de otras cepas de *A. marginale* bajo diferentes condiciones.

Palabras clave: *Anaplasma marginale*, bovinos, anaplasmosis, vectores.

Aislamiento de micobacterias atípicas en cerdos reaccionantes a la prueba de tuberculina, reporte de un caso

HORACIO KEILTY¹ Y MICAELA FIORELA STAZIONATI²

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa Fe, Argentina

² Estación Experimental Agropecuaria Guillermo Covas (EEA-INTA Guillermo Covas). Anguil, La Pampa, Argentina

hkeilty@gmail.com

La tuberculosis en la especie porcina es producida tanto por especies del Complejo Aviar, *Mycobacterium avium* subespecie *avium* y *M. avium* subsp. *hominissuis*, como por especies del Complejo *M. tuberculosis*, especialmente por *M. bovis*. Se han aislado esporádicamente del cerdo micobacterias tales como *M. kansasii*, *M. xenopi*, *M. fortuitum*, *M. chelonae* y *M. peregrinum*. El objetivo del siguiente trabajo es describir el aislamiento de micobacterias no tuberculosas (MNT) en cerdos reaccionantes a la intradermorreacción tuberculínica. El presente estudio de caso se realizó en un criadero comercial de 50 madres, sin antecedentes de tuberculosis, donde se decidió realizar la prueba tuberculínica comparativa, intradermorreacción con tuberculina aviar (cepa D4) y mamífera (cepa AN5). El total de las reacciones positivas se correspondieron mayormente con la cepa aviar con predominio de respuesta en 28 animales, idéntica reacción a ambas cepas en 2 cerdos y respuesta a la cepa bovina exclusivamente en un animal. Se procedió a realizar la necropsia a 2 cerdas reaccionantes a la tuberculina aviar, en las cuales no se encontraron lesiones macroscópicamente compatibles con TBC;

se recolectaron muestras de linfonódulos mandibulares, traqueobronquiales, mediastínicos, gastrohepáticos, mesentéricos y mamarios en contenedores estériles; también se realizaron hisopados de *mucus* nasal de 5 animales, incluidos los dos necropsiados. Las muestras se sembraron en medios de Stonebrink y Löwenstein Jensen. Los hisopados nasales resultaron negativos al cultivo. Los cultivos de las muestras en los que se obtuvo desarrollo, las colonias eran escasas. La identificación de la especie se realizó por secuenciación del gen 16S ARN ribosomal y comparación de las secuencias génicas obtenidas en bases de datos (ver tabla).

Muestra	Especie Blast	Especie RDP
1	<i>Mycobacterium brasiliensis</i>	<i>Mycobacterium brasiliensis/moriokaense</i>
2	<i>Mycobacterium brasiliensis/moriokaense /barrassiae</i>	<i>Mycobacterium brasiliensis/moriokaense/barrassiae /elephantis</i>
3	<i>Mycobacterium brasiliensis</i>	<i>Mycobacterium brasiliensis/moriokaense/barrassiae /elephantis</i>
4	<i>Mycobacterium asiaticum</i>	<i>Mycobacterium asiaticum/intracellulare</i>

Los animales enviados a faena, a pesar de ser reaccionantes a la tuberculina aviar, no evidenciaron lesiones macroscópicas compatibles con micobacteriosis. La infección con MNT se consideró involucrada en reacciones a la prueba de tuberculina, destacando en el saneamiento de las piaras la necesidad de la inspección de lesiones

en faena, aislamiento y tipificación de especies para diferenciar las micobacterias presentes.

Palabras clave: micobacterias no tuberculosas, cerdos, intradermorreacción.

***Campylobacter* termotolerantes en aves silvestres de establecimientos lecheros y avícolas de la zona centro santafesina**

MARÍA DE LOS ÁNGELES SALUZZO¹, DARÍO EZEQUIEL MANZOLI¹, ALEJANDRO PERCARA¹, MARÍA AYLÉN TERESITA EBERHART¹, CAROLINA RAQUEL OLIVERO², MARÍA VIRGINIA ZBRUN², LAUREANO SEBASTIÁN FRIZZO² Y PABLO MARTÍN BELDOMÉNICO¹

¹ Laboratorio de Ecología de Enfermedades (LEcEn), Instituto de Ciencias Veterinarias del Litoral (UNL-CONICET). Esperanza, Santa Fe, Argentina

² Laboratorio de Análisis de Alimentos (LAA), Departamento de Salud Pública, Facultad de Veterinaria, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

meliguitar18@gmail.com

Campylobacter termotolerantes (CT) son patógenos bacterianos distribuidos mundialmente, causantes de gastroenteritis en humanos. Entre el 2,1% y 3,5% de casos anuales de campylobacteriosis son atribuibles a las aves silvestres. Las cepas aisladas son similares a las que colonizan a los pollos de engorde y al ganado bovino. La información sobre el rol de las aves silvestres en la ecología de los CT es muy escasa. El objetivo del trabajo fue determinar la ocurrencia de especies de CT en aves silvestres en establecimientos lecheros y avícolas de la zona centro santafesina. Desde abril a diciembre de 2019 se muestrearon tres establecimientos lecheros y tres granjas avícolas ubicados en los departamentos Castellanos, La Capital y Las Colonias de la provincia de Santa Fe. Las aves silvestres fueron capturadas con

redes de niebla y muestreadas mediante hisopado cloacal (Ordenanza CS N°6/19). Las muestras fueron colocadas en caldo Bolton, transportadas al laboratorio, sembradas e incubadas en microaerofilia. Aquellas placas que presentaban colonias compatibles con *Campylobacter* se observaron al microscopio para verificar la morfología y posteriormente las especies de CT, identificadas mediante PCR. Mediante el test de Chi², se compararon ocurrencias de CT en aves silvestres entre ambos tipos de establecimientos. La captura de aves en establecimientos lecheros fue de 300 individuos de 29 especies, la mayoría gorriones, con una prevalencia de CT del 20 %; en granjas avícolas, se capturaron 284 individuos de 15 especies, la prevalencia de CT fue mayor, alcanzando el 31 % ($p=0.0023$). *C. jejuni* fue aislado en un 14 % de las aves silvestres muestreadas en establecimientos lecheros, mientras que el 86 % positivo restante no pudo determinarse género y especie. Por otra parte, en las granjas avícolas *C. jejuni* fue el CT más aislado en aves con un 39 %, seguido por *C. coli* con un 6 %. En un 61 % de las muestras positivas restantes no pudo determinarse género y especie. En ambos sistemas la especie de ave silvestre que presentó mayor abundancia y en la que se observó mayor prevalencia de CT fue *Passer domesticus*. Esta especie de ave podría ser un diseminador de CT desde ambos establecimientos pecuarios y potencial fuente de contaminación.

Palabras clave: *Campylobacter* termotolerante, aves silvestres, PCR.

Determinación de la relación clonal entre salmonelas aisladas de granjas con tifosis aviar y salmonelas provenientes de pacientes humanos mediante PFGE

MARIO ALBERTO SORIA¹, LUCÍA GALLI², ALEJANDRA LONDERO² Y DANTE JAVIER BUENO¹

¹ Estación Experimental Agropecuaria Concepción del Uruguay (EEA-INTA Concepción del Uruguay). Entre Ríos, Argentina

² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

soria.mario@inta.gob.ar

Las técnicas de subtipificación molecular, como la electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE), permiten establecer la relación clonal de aislamientos obtenidos de distintos orígenes. El objetivo del presente trabajo fue determinar mediante PFGE los patrones de clonalidad entre cepas de *Salmonella* ser. Gallinarum biovar Gallinarum (SG), aisladas en granjas con brotes de tifosis aviar (GBTA) de aves de postura y una cepa vacunal de SG, y determinar los patrones de clonalidad dentro las serovariedades *S. ser. Enteritidis* (SE), *S. ser. Schwarzengrund* (SSch) y *S. ser. Livingstone* (SL) provenientes de pacientes humanos, ambiente hospitalario y de GBTA. La técnica de PFGE se realizó utilizando el protocolo de la red PulseNet. Se incluyeron 48 aislamientos de SG pertenecientes a las provincias de Entre Ríos (33), Santa Fe (8), Tucumán (2), Jujuy (2), Mendoza (2), Buenos Aires (1) y la cepa vacunal SG 9R. Por otro lado, se

analizaron otras serovariedades de *Salmonella*, 5 cepas fueron aisladas de GBTA y 7 cepas fueron aisladas de pacientes humanos y/o ambiente hospitalario. Considerando un 100 % de similitud, la cepa vacunal SG 9R presentó un patrón único. En SG de GBTA se obtuvieron 4 grupos. El grupo III incluyó la mayoría de los aislamientos de SG pertenecientes a Buenos Aires (1), Entre Ríos (27), Jujuy (2), Mendoza (2) y Santa Fe (8). Los aislamientos de SE (1 de granja y 2 de humanos) presentaron el mismo patrón de restricción. Para SL, los 3 aislamientos de GBTA presentaron el mismo patrón de restricción. En las cepas de SSch, se observó que el aislamiento proveniente de GBTA presentó un patrón único, mientras que los 5 aislamientos relacionados a humanos conformaron un mismo grupo. La técnica de PFGE permite diferenciar la cepa vacunal 9R de los aislamientos de SG obtenidos de GBTA. Así también, puede existir una relación clonal de otros serovares de *Salmonella* sp. entre los aislamientos de GTBA y los de pacientes humanos y ambientes hospitalarios. Esto representa una alerta para maximizar los cuidados en la crianza de las aves de postura para disminuir el impacto de serovariedades zoonóticas distintos de SG en salud pública.

Palabras clave: Tifosis aviar, *Salmonella* sp., electroforesis en gel de campo pulsado.

Pleomorphic colonies of *Clostridium perfringens* isolated from intestinal content from healthy goats

ANA CLARA MIGNAQUI¹ Y ROMANELA BEATRIZ MARCELLINO²

¹ Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB). San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina

² Estación Experimental Agropecuaria Bariloche (EEA-INTA Bariloche). San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina

marcellino.romanela@inta.gob.ar

Clostridium perfringens is a ubiquitous worldwide distributed bacterium. It can be isolate from soil, water, gastrointestinal tract of healthy animals and humans, and from clinical specimens. Under certain circumstances it can produce a variety of diseases in goats and sheep such as enterotoxaemia and hemorrhagic enteritis due to the effect of different toxins that this bacterium can produce. The pleomorphic characteristics of *C. perfringens* colonies have already been described. However, colony description and photos are not always available. Here, we report pleomorphic colonies of *C. perfringens* isolated from intestinal contents of healthy goats. Intestinal content samples were collected from ten 2-month old goats at the local slaughterhouse. Samples were collected into sterile tubes and processed within the same day. For bacteriological analysis, 100 µl of intestinal content were seeded onto blood agar neomycin plates and were anaerobically incubated for 24 h at 37 °C. After incubation, colonies morphologically compatible with *C. perfringens* (medium-sized and with a characteristic double-zone hemolysis) were identified

by Gram staining and biochemical tests (catalase, lecithinase, reverse CAMP and aerotolerance). Once isolated and identified, purified colonies were sub-cultured onto blood agar plates. *C. perfringens* was isolated from all samples and in counts higher than 2.5×10^2 CFU/ml in 60 % of them. Different colony morphologies were identified (FIGURE 1). Some of the colonies were medium-sized, raised, bright, circular shaped, entire edged, with a characteristic double-zone hemolysis (FIGURE 1A and B colony T) while other colonies were bigger, flat, wavy edged with the double-zone hemolysis not so apparent (FIGURE 1A and B colony F). Interestingly, some *C. perfringens* isolates showed a single morphology while others showed mixed morphologies after sub-cultivation although they derived from one colony (FIGURE 1A).

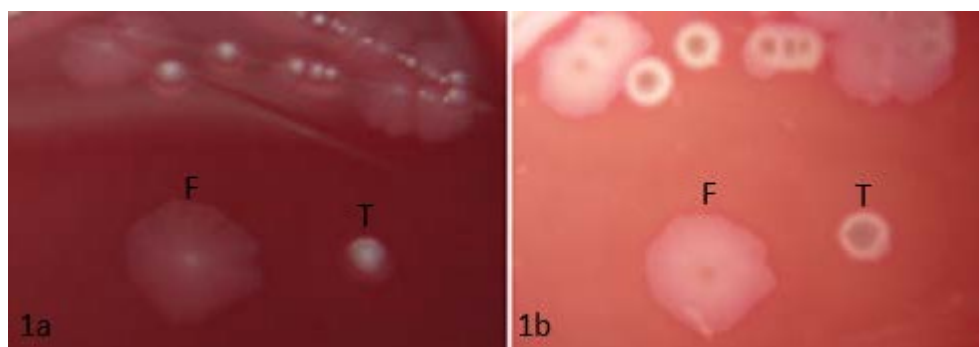


FIGURE 1. Pleomorphic colonies of *C. perfringens* isolated from intestinal content from healthy goats in Blood agar plates after 24 hours of anaerobic cultivation. **1aT)** Colony typically described as *C. perfringens*: medium-sized, raised, bright, circular shaped, entire edged, with a characteristic double-zone hemolysis and **1aF)** Flat colony: bigger, flat, wavy edged with the double-zone hemolysis not so apparent. **1b)** Show the same agar plate examined with transmitted light for show the zone hemolysis

Also, mixed morphologies between these two types of colonies were identified. Interestingly, the description of pleomorphic colonies of *C. perfringens* is useful since in the literature there is a lack of

information on its existence in the intestinal content of healthy goats. In addition, these results demonstrate that commonly healthy goats have a high isolation rate of this bacterium. This information is practical for the isolation and identification of *C. perfringens* in samples for diagnosis or research purposes.

Keywords: *Clostridium perfringens*, pleomorphic colonies, goats.

Caracterización de *Trueperella pyogenes* por métodos fenotípicos convencionales y por espectrometría de masas (MALDI-TOF)

FLORENCIA LAURA PANTOZZI¹, MARÍA LAURA MENESES^{1,2},
MARIELA PAULA IBAR¹ Y VICTORIO FABIO NIEVAS¹

¹ Laboratorio de Bacteriología y Antimicrobianos, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Universidad Nacional Arturo Jauretche (UNAJ). Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina

mlmeneses@fcv.unlp.edu.ar

El género *Trueperella*, previamente clasificado como *Corynebacterium pyogenes*, *Actinomyces pyogenes* y *Arcanobacterium pyogenes*, pertenece a la familia *Actinomycetaceae*. Comprende cinco especies: *Trueperella abortus*, *Trueperella bernardiae*, *Trueperella bialowiezensis*, *Trueperella bonasi* y *Trueperella pyogenes*. Dentro del género, *T. pyogenes* es el patógeno oportunista más importante involucrado en una gran cantidad de enfermedades supurativas en animales y humanos. Forma parte de la microbiota comensal de piel y mucosas, aparato digestivo, aparato respiratorio anterior y tracto urogenital. Actuaría primariamente como oportunista pudiéndose diseminar y producir abscesos metastásicos acompañados o no de mastitis, neumonía, artritis, linfadenitis, peritonitis, infecciones genitourinarias, etc., generando de esta manera grandes pérdidas económicas en animales de consumo. *Trueperella pyogenes* fue aislada de 13 muestras de

origen bovino entre los años 2014 y 2018, siete procedentes de hisopados uterinos, cuatro de pulmón, una de herida piel y una de leche de glándula mamaria. Las muestras se sembraron en agar tripticasa soya con 5 % de sangre ovina desfibrinada y se incubaron aeróbicamente con una atmósfera del 5 % de CO₂ a 37 °C por 48-72 h. Se observaron colonias puntiformes, convexas, translúcidas y circulares de 0,5 a 1 mm de diámetro, con una zona de beta hemólisis a su alrededor observando la placa por detrás de la fuente de luz (luz transmitida). Microscópicamente se observaron bacilos grampositivos, pequeños, cortos y pleomórficos. Las pruebas fenotípicas utilizadas y sus resultados fueron: catalasa (-), hidrólisis de esculina (-) y gelatina (+), reducción de nitratos (-), producción de ácido de glucosa (+), lactosa (+), manitol (-), trehalosa (+) y xilosa (+). Cabe destacar la importancia de un inóculo abundante en las pruebas de acidificación de azúcares y su incubación hasta 5 días. En cuanto a la prueba de CAMP, sólo 4 de las 13 cepas fueron positivas, coincidiendo con la variabilidad publicada por otros autores en lo que respecta a los resultados de esta prueba. El método MALDI-TOF se llevó a cabo en el Laboratorio de Bacteriología Especial del Instituto «Dr. Carlos G. Malbran». Las 13 cepas aisladas fueron identificadas por este método como *Trueperella pyogenes* con un score de nivel de especie ≥ 2.0 .

Palabras clave: *Trueperella pyogenes*, fenotipificación, MALDI-TOF.

Prevalencia de agentes bacterianos involucrados en casos de neumonías en *feedlot*

MARÍA GUADALUPE DE YANIZ¹, MARÍA ANDREA FIORENTINO², FERNANDO ALBERTO PAOLICCHI² Y SERGIO SÁNCHEZ BRUNI¹

¹ Departamento de Fisiopatología. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA); Centro Investigaciones Veterinarias Tandil (CIVETAN) (CONICET-CIC). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Bacteriología, Grupo de Sanidad Animal, Centro Regional Buenos Aires Sur, Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (EEA-INTA Balcarce). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

gdeyaniz@vet.unicen.edu.ar

La enfermedad respiratoria bovina (ERB) es causante de pérdidas económicas en animales de engorde a corral. Las principales bacterias involucradas en su patogenia son *Histophilus somni*, *Mannheimia haemolytica* y *Pasteurella multocida*, y en menor medida *Mycoplasma bovis* y *Trueperella pyogenes*. En nuestro país son escasos los datos sobre la prevalencia de aislamientos bacterianos en pulmones de bovinos muertos por ERB. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de aislamientos bacterianos en bovinos muertos naturalmente por ERB en engordes a corral en la región del sudeste de la provincia de Buenos Aires (Argentina). Se realizó la necropsia de 70 animales provenientes de 6 establecimientos de engorde a corral con síntomas respiratorios que fueron refractarios a tratamientos con antibióticos y que presentaron lesiones compatibles con neumonías bacterianas. Se tomaron estérilmente muestras de

pulmón y se cultivaron en agar sangre Columbia en atmósfera con 5-10 % de CO₂ y en agar MacConkey en aerobiosis a 37 °C durante 48 y 24 h, respectivamente. No se realizaron cultivos para la búsqueda de *M. bovis*. La identificación de género y especie se realizó mediante pruebas culturales y bioquímicas clásicas. En 67/70 (95,7 %) muestras se aislaron las especies bacterianas involucradas en estos casos de ERB, determinándose que en 51/67 (76,2 %) de los casos la infección fue causada por una única especie bacteriana, mientras que en los en los restantes 16 (23,8 %) casos la infección fue dual (TABLA 1).

Aislamiento	Número de casos	% sobre el total de casos (n:67)
<i>H. somni</i>	19	28,36 %
<i>M. haemolytica</i>	20	29,85 %
<i>P. multocida</i>	9	13,43 %
<i>T. pyogenes</i>	3	4,48 %
<i>P. multocida</i> + <i>H. somni</i>	9	13,43 %
<i>P. multocida</i> + <i>M. haemolytica</i>	6	8,96 %
<i>P. multocida</i> + <i>T. pyogenes</i>	1	1,49 %

TABLA 1. Diagnóstico bacteriológico de casos de neumonías en bovinos de *feedlot*

Considerando en conjunto las infecciones simples y duales, *H. somni* fue la bacteria más frecuentemente aislada, datos que difieren de los reportados en la literatura. Por otro lado, la detección de más de un agente bacteriano fue menor que la reportada en estudios previos,

lo que podría deberse al hecho de que en nuestro estudio el 100 % de los animales recibió al menos un tratamiento antibiótico. En nuestro trabajo se logró un diagnóstico bacteriológico eficiente, partiendo de una correcta selección de los casos y una cuidadosa toma de muestras. El correcto diagnóstico bacteriológico es de vital importancia para la posterior realización de ensayos de resistencia antimicrobiana, lo cual se traducirá en una utilización más eficaz de los antimicrobianos.

Palabras clave: Complejo respiratorio bovino, técnica microbiológica, *H. somni*, *P. multocida*, *M. haemolytica*, *T. pyogenes*.

Aislamiento de *Brucella abortus* en felinos domésticos en la República Argentina

CECILIA LAURA DI LORENZO¹, ANA PAOLA MICELI¹, ANA BELÉN SCUFFI¹, CARLOS GALEANO², MARÍA CECILIA VILLAT², HERNÁN SILVA³, ADRIANA TORRES³, FLORENCIA TASSARA³ Y FEDERICO SPOSITO³

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Dirección de Zoonosis, Municipalidad de La Plata, Provincia de Buenos Aires. La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Dirección de Carnes, Ministerio de Asuntos Agrarios, Provincia de Buenos Aires. La Plata, Buenos Aires, Argentina

cdilorenzo57@gmail.com

Se reporta el aislamiento de *Brucella abortus* a partir de felinos domésticos en la ciudad de La Plata, provincia de Buenos Aires (República Argentina), en el año 2017. Los aislamientos fueron obtenidos a través de hemocultivo, realizados a tres felinos reactores serológicos a la prueba de aglutinación en placa con antígeno bufferado (BPA). Los microorganismos aislados fueron identificados bioquímicamente por las pruebas aplicables al género y fenotípicamente por la Reacción en Cadena de la Polimersa (PCR). Confirmados por la Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud (INEI-ANLIS, Sección Brucelosis) como pertenecientes al género *Brucella abortus* biovariedad (bv.1). Como parte de un proyecto de extensión interinstitucional, durante el periodo 2017-2020, se procede a muestrear felinos que concurren a la

Dirección de Zoonosis municipal para su esterilización. Se han aprobado para ello procedimientos para la toma de muestras (con destino a pruebas serológicas, cultivos y técnicas moleculares), dirigidas a la búsqueda de las principales zoonosis bacterianas y una encuesta que permite identificar diversos factores de riesgo, dirigidos especialmente a la ocurrencia de zoonosis. La documentación se completa, con el consentimiento escrito de los responsables para la toma de muestras y posterior procesamiento para estudios relacionados con Salud Pública. La difusión de aislamientos de microorganismos en especies no habituales, resulta un aporte microbiológico en sí mismo, más aún cuando se trata de un género zoonótico. El aislamiento de *Brucella abortus* biovariedad (bv.1) en felinos domésticos pertenecientes a zonas urbanas y asintomáticos, representa un importante desafío para la Salud Pública, por ser los felinos mascotas frecuentes y con estrecha convivencia con el ser humano, si bien se necesitarán más estudios para describir la patogenia y las probables vías y mecanismos de eliminación en esta especie.

Palabras clave: *Brucella abortus*, brucelosis, felinos, Argentina.

Caracterización de *Escherichia coli* shigatoxigénica asociada a colitis hemorrágica en un ternero neonato

DANIEL FERNÁNDEZ², RAMÓN ALEJANDRO GONZÁLEZ PASAYO¹, MARCELO SANZ², MARÍA ANDREA FIORENTINO¹, MARÍA BELÉN RICCIO³, JORGE PABLO GARCÍA³, ANALÍA INÉS ETCHEVERRÍA², NORA LÍA PADOLA² Y ENRIQUE LEOPOLDO LOUGE URIARTE¹

¹Grupo de Sanidad Animal, Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS) (INTA-CONICET). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

²Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN) (CONICET-CIC); Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³Servicio de Diagnóstico Veterinario, Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

lougeuriarte.enrique@inta.gob.ar

nlpadola@vet.unicen.edu.ar

E. coli shigatoxigénica (STEC) produce toxinas Shiga (Stx1 y Stx2) como sus principales factores de virulencia, aunque posee factores adicionales para potenciar su patogenicidad. Los bovinos son reservorios de STEC pero las evidencias experimentales y casos naturales demuestran la asociación etiológica entre algunos serogrupos (O5, O26, O103 y O111) de STEC y colitis hemorrágica (CH) o diarrea en terneros. En este contexto, las cepas STEC han sido poco estudiadas. El objetivo del estudio fue caracterizar los genes de virulencia (GV), serogrupo, filogrupo y la susceptibilidad antimicrobiana en aislamientos STEC asociados a CH. El caso ocurrió

en un ternero de tambo de 12 días de vida, reportado previamente y remitido muerto. En la necropsia se observó congestión y coágulos de sangre en colon espiral y recto, e histológicamente, colitis y proctitis hemorrágica severa con abundantes bacterias intralesionales. Las heces fueron negativas a la mayoría de los enteropatógenos. Sin embargo, se detectó *Cryptosporidium* y 9 aislamientos de STEC, de los cuales 5 fueron caracterizados por PCR mediante la detección de *stx1*, *stx2*, *eae*, *ehxA*, *saa*, *iha*, *efa1*, *ehaA*, *fimCD*, *agn43EDL*, *agn43*, *aidA*, *bfpA*, *iss* e *iucD*. El serogrupo se determinó por aglutinación con antisueros específicos, el filogrupo se analizó por PCR *cuadruplex* según CLERMONT *et al.* 2013 y la susceptibilidad antimicrobiana (16 compuestos) se evaluó con el método de difusión con discos. Los 5 aislamientos mostraron el perfil *stx1/stx2/eae/iha/efa1/ehaA/fimCD/iucD*. Además, se identificaron el serogrupo O111 y el filogrupo B1 en dos aislamientos seleccionados; ambos mostraron resistencia a fluoroquinolonas, ampicilina, oxitetraciclina y trimetoprima/sulfametoxazol. El estudio identificó GV asociados a factores que participan en la patogenicidad, adherencia, agregación y colonización intestinal. A pesar de las lesiones observadas, no se detectó *ehxA* (enterohemolisina) en los aislamientos estudiados. Sin embargo, el filogrupo B1 es frecuente en STEC de los serogrupos O26, O103 y O111. La detección de *iucD* (aerobactina) es interesante al ser un factor de virulencia típico de *E. coli* septicémica. Los resultados obtenidos refuerzan el rol de ciertas cepas STEC como causa de CH en terneros.

Palabras clave: *Escherichia coli* shigatoxigénica, colitis hemorrágica, ternero, genes de virulencia, serogrupo, filogrupo.

Diagnóstico de brucelosis en *Zaedyus pichiy* mediante técnicas serológicas convencionales

MATÍAS EZEQUIEL ARREGUI^{1,2}, BIBIANA FELICITAS BRIHUEGA^{1,2} Y LUIS ERNESTO SAMARTINO^{1,2}

¹ Instituto de Patobiología, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

² Escuela de Veterinaria, Universidad del Salvador (USAL). Pilar, Buenos Aires, Argentina

arregui.matias@inta.gob.ar

Brucella es un género que se encuentra en constante expansión. La detección de nuevas especies en animales silvestres marca la importancia del relevamiento de la circulación de *Brucella* spp. No se encuentra completamente establecido el rol de los armadillos en la cadena epidemiológica de infecciones de brucelosis, ni tampoco evidencia de la presencia de especies de *Brucella* adaptadas a los armadillos. Actualmente hay información detallada sobre técnicas serológicas convencionales para el diagnóstico de brucelosis en animales de cría, pero insuficiente sobre el desempeño en especies no tradicionales. El objetivo del presente trabajo fue realizar un relevamiento serológico de armadillos para detectar anticuerpos contra *Brucella* spp. mediante técnicas serológicas convencionales. Se realizó el sangrado de un total de 632 animales, de distintas especies. El muestreo estuvo compuesto por 360 caprinos de un rebaño infectado de brucelosis para evaluar el contexto epidemiológico, junto con muestras de 44 caninos, 12 equinos y 216 pichis/piches (*Zaedyus pichiy*). Las muestras fueron analizadas mediante Antígeno Bufferado en Placa (BPA), Ensayo de Polarización Fluorescente (FPA) y Fijación

de Complemento (FC). Se detectaron 35 caprinos positivos (35/360) y 12 armadillos positivos siguiendo la redacción de los resultados de caprinos y de acuerdo al *Manual de Diagnóstico Serológico de SENASA* (2019). Las pruebas fueron negativas para las restantes especies. Mediante este trabajo se pone en evidencia presencia anticuerpos contra *Brucella* spp. en armadillos que cohabitan con caprinos infectados. No existen evidencias que permitan sospechar del contagio entre armadillos, pero muy posiblemente su contacto con material infectado de abortos podría ser la causa, apareciendo como hospedadores accidentales de la infección.

Palabras clave: Brucelosis, *Zaedyus pichiy*, animales silvestres, piches.

Primer hallazgo de *Rickettsia* sp. en ciervos de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*) en Corrientes, Argentina

IARA FIGINI^{1,2}, DANTE LUIS DI NUCCI³, HERNÁN DARÍO ARGIBAY⁴, MARÍA MARCELA OROZCO^{1,2} Y ELIANA CAROLINA GUILLEMI⁵

¹ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA-CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Fundación de Historia Natural «Félix de Azara» y Refugio de Animales Silvestres Güirá Oga, Puerto Iguazú, Misiones, Argentina

⁴ Instituto Gonçalo Moniz, Fundação Oswaldo Cruz. San Salvador, Brasil

⁵ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMo) (INTA-CONICET). Castelar, Buenos Aires, Argentina

marcelaorozco.vet@gmail.com

Las enfermedades transmitidas por vectores representan un 17 % de todas las enfermedades infecciosas, causando más de 700.000 muertes humanas al año. La emergencia de enfermedades zoonóticas transmitidas por vectores constituye un problema de salud global, principalmente relacionado al cambio climático y las modificaciones ambientales que alteran los patrones de movimiento y dispersión de hospedadores y vectores. Las alfa-proteobacterias del género *Rickettsia* son microorganismos intracelulares obligados que infectan las células endoteliales, principalmente de la microvasculatura. En Argentina se describen dos escenarios epidemiológicos: uno asociado a la enfermedad de alta mortalidad en humanos causada por *Rickettsia rickettsii* en Salta y Jujuy, cuyos vectores son las garrapatas

Amblyomma tonelliae y *A. sculptum*, y otro asociado a cuadros aparentemente benignos causados por *R. parkeri* en la región central del país, con *A. triste* y *A. tigrinum* como vectores. Con el desarrollo de las herramientas moleculares se describieron nuevas especies y cepas de *Rickettsia* sp. en el país. Garrapatas del género *Amblyomma* parasitan múltiples especies animales tanto domésticas como silvestres, entre ellas el ciervo de los pantanos (*Blastocerus dichotomus*). Esta especie emblemática de los humedales de Argentina ha estado sujeta a grandes eventos de mortalidad durante la última década. Para determinar la presencia de *Rickettsia* sp. en esta especie de ciervo, se analizaron 28 muestras de tejido de pabellón auricular de ejemplares adultos muertos durante 2017 en Corrientes, que fueron procesadas con el kit comercial DNeasy Blood & Tissue (Qiagen) para la extracción de ADN. El material obtenido fue utilizado para la amplificación de un fragmento del gen *16S mitochondrial rDNA* común a la clase *Mammalia* con el fin de corroborar la correcta extracción de ADN. Aquellas muestras positivas fueron sometidas a una reacción de PCR seguida de secuenciación, dirigida al espaciador transcrito interno 23S-5S común para todos miembros del género *Rickettsia* sp. La detección molecular reveló que 6 de las 28 muestras de tejido analizadas resultaron positivas a *Rickettsia* sp. Este hallazgo constituye el primer reporte de *Rickettsia* sp. en ciervo de los pantanos y contribuye a mejorar la comprensión del rol de la fauna silvestre en el surgimiento de patógenos y enfermedades potencialmente zoonóticas.

Palabras clave: *Rickettsia* sp., ciervo de los pantanos, *Blastocerus dichotomus*, zoonosis emergentes transmitidas por vectores.

Efecto inhibitorio *in vitro* de bacterias lácticas aisladas de intestinos de *Scaptotrigona jujuyensis* sobre *Paenibacillus larvae*

**MARÍA JOSÉ CABANA¹, MARCOS RAÚL TEJERINA^{1,2},
MARCELO RAFAEL BENÍTEZ AHRENDTS¹ Y MARÍA ISABEL
FONSECA³**

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy (UNJu). San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina

² Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA-CONICET). San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina

³ Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología de Misiones (InBioMis-CONICET), Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNAM). Posadas, Misiones, Argentina

mariajosecabanav@gmail.com

El loque americano causado por la bacteria *Paenibacillus larvae* es una enfermedad que afecta a las crías de abejas *Apis mellifera* ocasionando su muerte. En los últimos años se han empleado bacterias lácticas para prevenir el desarrollo de la enfermedad. La microbiota benéfica de las abejas nativas sin aguijón (ANSA), entre ellas hongos y bacterias, presenta diversas propiedades y en la provincia de Jujuy están poco estudiadas. El objetivo de este trabajo fue aislar bacterias lácticas del intestino de abejas *Scaptotrigona jujuyensis* y evaluar su efecto inhibitorio *in vitro* sobre *P. larvae*. Se tomaron muestras de *S. jujuyensis* que fueron mantenidas en agua peptonada estéril hasta su procesamiento. Éste consistió en la extracción de los intestinos, que fueron macerados y enriquecidos en

caldo MRS por 24 h a 37 °C en condiciones de microaerofilia. Transcurrido ese tiempo, se sembraron en medio agar MRS e incubaron bajo las mismas condiciones. Posteriormente se procedió a seleccionar aquellas colonias con características fenotípicas compatibles con el género *Lactobacillus*, las cuales fueron colocadas en caldo MRS hasta lograr una concentración de 10^8 UFC/ ml. El *P. larvae* UB-CIDEFI fue activado en caldo MYPGP a 37 °C. Para el ensayo de inhibición se empleó la técnica de difusión en placa, con agar Mueller Hinton, en el cual se sembraron 100 µl de *P. larvae*, donde se realizaron pocillos y se colocaron 20 µl de las bacterias lácticas. Las placas fueron incubadas a 37 °C por 24 h, transcurrido este tiempo se midieron los halos de inhibición. Se obtuvieron cinco cepas del intestino de las abejas, denominadas: M1, M2, M3, M4 y M5. Éstas presentaron halos de inhibición promedio de: M1 ($2,75 \pm 0,5$ mm), M2 ($8 \pm 0,81$ mm), M3 ($12,5 \pm 1,63$ mm), mientras que M4 y M5 no registraron halos de inhibición. Se realizó ANAVA estableciendo una diferencia significativa entre las cepas con un p valor < 0,0001. La cepa láctica M3 presentó el mejor efecto inhibitorio *in vitro* sobre *P. larvae* postulándose como una posible opción para prevenir y controlar el loque americano.

Palabras clave: Abejas nativas sin aguijón, efecto inhibitor, loque americano, bacterias lácticas.

Determinación y tipificación de bacterias asociadas al hígado y riñón de *Gymnotus carapo* en ambientes naturales

**SABRINA MÉNDEZ GALARZA¹, GABRIELA BEATRIZ OLEA²,
MACARENA CESARIO³ Y CAROLINA FLORES QUINTANA¹**

¹ Histología y Embriología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). Corrientes, Argentina

² Histología Animal, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). Corrientes, Argentina

³ Cátedra de Bacteriología y Morfología, Facultad de Ciencias Exactas, Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). Corrientes, Argentina

sabrimendezgala@gmail.com

La microbiota normal son microorganismos que se adaptan específicamente a ciertos tejidos o superficies del animal, por interacción entre los componentes superficiales del hospedador que les permiten la adherencia y colonización. El objetivo del presente trabajo es aislar y caracterizar los microorganismos que se encuentran residentes en el hígado y riñón de *Gymnotus carapo*, una especie utilizada en la pesca deportiva, a fin de conocer su microbiota natural y/o patógena. Se remitieron al laboratorio muestras de hígado y riñón provenientes de 4 morenas hembras y 4 machos para identificación de microorganismos. Para el momento de recolección, transporte y preservación de las muestras se utilizó un medio de transporte Stuart. Luego se procedió a la siembra en los medios Agar-Sangre, para permitir el crecimiento de todos los microorganismos con importancia y Agar Levine, medio diferencial y selectivo para aislar y detectar

enterobacterias en muestras mixtas. Se las llevó a estufa a 37 °C. A las 24 h se visualizó el crecimiento de los microorganismos. Se realizó una coloración de Gram para observar la morfología. Se utilizaron diferentes pruebas para la posterior tipificación de los microorganismos: la prueba de la catalasa, de hemólisis, de hidrólisis de pyr, coagulasa, TSI, SIM, citrato, urea, lisina hierro agar y también se probó la resistencia a bacitracina. Se realizó la observación cualitativa de los medios de cultivo. Los resultados permiten caracterizar la presencia de *Streptococcus pyogenes* y *Staphylococcus coagulasa negativo* para las hembras y *Citrobacter* sp. para los machos. La coloración reveló la presencia de cocos grampositivos en hembras y bacilos gramnegativos en machos. La presencia de estas bacterias indica que estos animales están siendo colonizados por distintos microorganismos en el ambiente donde viven. La respuesta a bacitracina de los cocos grampositivos nos permite inferir su resistencia natural en el caso de los *Staphylococcus coagulasa negativo*; siendo por otro lado sensibles en el caso de *Streptococcus pyogenes*. Posteriormente se confrontará estos resultados con la observación histológica de estos órganos para evidenciar si presentan patologías que los afecten.

Palabras clave: peces, microorganismos, microbiota.

Efecto de la inactivación de los genes de las islas de patogenicidad 1 y 2 de *Salmonella* Typhimurium (SPI-1 y SPI-2) en la generación de lesiones histológicas en órganos de pollos de un día de edad

**HUGO MARTÍNEZ JARQUIN, JWERLLY TATIANA PICO
RODRÍGUEZ, JESÚS GÓMEZ CHÁVEZ, MIREYA JUÁREZ
RAMÍREZ Y LUARY CAROLINA MARTÍNEZ CHAVARRÍA**

Departamento de Patología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Ciudad de México, México

hugo9622@hotmail.com

Salmonella enterica serovar Typhimurium es un patógeno de humanos y animales. La mayoría de los genes necesarios para su virulencia se encuentran en regiones genómicas conocidas como islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI). Las SPI más estudiadas son SPI-1 y SPI-2. Los genes de SPI-1 permiten que la bacteria invada el intestino, mientras que los genes de SPI-2 son importantes para la supervivencia y replicación intracelular. Los pollos como modelo experimental permiten observar las dos manifestaciones clínicas de *S. Typhimurium*; en pollos de un día de edad provoca enfermedad sistémica, mientras que en pollos de mayor edad causa enfermedad intestinal. Estudios que han evaluado los efectos de SPI-1 y SPI-2 no han podido aclarar el papel de estas islas *in vivo*. Para evaluar el papel que tienen los genes de SPI-1 y SPI-2 en la fase intestinal y sistémica,

en este trabajo empleamos grupos de 15 pollos libres de patógenos específicos (SPF), que fueron inoculados vía oral con 10^{10} UFC de la cepa silvestre (WT) SL1344 de *S. Typhimurium* y las mutantes Δ SPI-1 y Δ SPI-2. A las 24, 48 y 72 h post infección, a 5 pollos de cada grupo se les aplicó la eutanasia y se les realizó el estudio *post mortem*. Se tomaron muestras de ciego e hígado para el cálculo de UFC e histopatología. Se recuperaron colonias bacterianas de los ciegos e hígado infectados con la cepa WT, pero no de los infectados con las mutantes. En la evaluación histopatológica de los hígados infectados con la cepa WT, se encontraron lesiones tales como necrosis hepática e infiltrado linfocítico, mientras que los ciegos presentaron tiflitis linfocítica y granulocítica, necrosis, edema y bacterias intraluminales e intracriptales. Estas bacterias fueron identificadas como *Salmonella* mediante PCR, empleando como templado el DNA extraído de los bloques de parafina que contenían los órganos que presentaron las lesiones. Los órganos de los pollos infectados con las dos cepas mutantes Δ SPI-1 y Δ SPI-2, no presentaron alteraciones en comparación con la cepa silvestre. Nuestros resultados indican que los genes de SPI-1 y SPI-2 tienen un papel importante en el desarrollo de la enfermedad sistémica y la colonización intestinal.

Palabras clave: *Salmonella*, islas de patogenicidad, pollos, SPI-1, SPI-2.

Efecto de la ozonoterapia en comparación al tratamiento tradicional en otitis externa infecciosa canina

***NATALIA FLORENCIA MACHADO MAFFIOTTO, *MARÍA FLORENCIA NAVARRO LALUZ, LETICIA DIANA Y GABRIELA VERÓNICA FRANCO MORENO**

Unidad de Microbiología, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

gabrielafrancomoreno@gmail.com

La otitis externa es una enfermedad inflamatoria aguda o crónica de etiología multifactorial con un alto porcentaje de recidivas, impidiéndose la resolución y convirtiéndose en casos crónicos con escasa respuesta al tratamiento. Existen microorganismos pertenecientes a la flora normal del oído (*Staphylococcus spp*, *Streptococcus spp.*, *Pseudomonas spp.*, *Proteus spp.* y *Escherichia coli*) que proliferan cuando el microclima es alterado. La ozonoterapia presenta propiedades microbicidas, analgésicas y antiinflamatorias, siendo una buena alternativa al uso de antibióticos. Se describe que la aplicación tópica mediante el uso de aceites ozonizados presenta un alto poder germicida, debido a la peroxidación de lípidos y proteínas interrumpiendo la integridad de la envoltura celular bacteriana. El objetivo de este trabajo es comparar la ozonoterapia tópica y el tratamiento convencional frente a otitis externa canina. Se formaron al azar dos grupos de estudio conformados por 15 animales cada uno. El Grupo control recibió corticoides y el tratamiento ótico tradicional con gentamicina. El Grupo ozono recibió corticoides y tratamiento local

utilizando aceite ozonizado. Una vez ingresados al ensayo clínico, a todos los animales se les hisopó el día 0, 7 y 14. Los hisopos fueron procesados mediante técnicas de diagnóstico bacteriológico para llegar a la identificación del género bacteriano y fue analizada su susceptibilidad a los antibióticos *in vitro*. Los resultados revelaron que los microorganismos aislados con mayor frecuencia fueron *Malassezia spp.* (70 %), *Staphylococcus spp.* (63 %), *Pseudomonas spp.* (20 %). Otras bacterias encontradas en menor proporción fueron: *Corynebacterium spp.*, enterobacterias y bacilos contaminantes. Al comparar ambos grupos se demostró que la ozonoterapia local es más efectiva que el tratamiento local con gentamicina frente a *Malassezia spp.* y *Staphylococcus spp.*, ya que se demostró menor tiempo y mayor proporción de animales recuperados. En cuanto a *Pseudomona spp.*, la ozonoterapia local no fue efectiva. Asimismo, a los animales del grupo control con aislamientos de *Staphylococcus spp.* y *Malassezia spp.* que no mostraron evolución clínica favorable luego de finalizado el tratamiento, se les aplicó el tratamiento local con aceite ozonizado. Todos los casos mostraron una evolución clínica favorable, analizados mediante grado de inflamación, secreción, dolor y presencia de microorganismos.

Palabras claves: otitis, ozonoterapia, *Malassezia*, *Staphylococcus*, *Pseudomonas*.

* Idéntica contribución.

Presencia de *Moraxella bovoculi* y *Moraxella bovis* en rodeos bovinos lecheros con antecedentes de brote de queratoconjuntivitis infecciosa bovina

**MARÍA CECILIA CAMUSSONE, ANA INÉS MOLINERI,
GUILLERMO SUÁREZ ARCHILLA, JOAQUÍN CICOTTELLO,
NICOLÁS WELSCHEN, VERÓNICA ELIZABETH NEDER,
MARCELO LISANDRO SIGNORINI Y MARÍA VIRGINIA ZBRUN**

Grupo de Epidemiología y Enfermedades Infecciosas, Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL) (INTA-CONICET). Santa Fe, Argentina

virginiazbrun@yahoo.com.ar

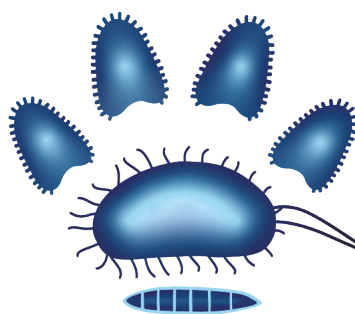
La queratoconjuntivitis infecciosa bovina (QIB) es una enfermedad altamente contagiosa, de distribución mundial, caracterizada por afectar el ojo de los bovinos. En Argentina existe escasa información actualizada sobre la epidemiología de la enfermedad. Si bien, *M. bovis* es el principal agente aislado en casos de QIB, poco se ha investigado sobre la presencia de otras especies de *Moraxella* en su patogenia. El objetivo de este trabajo fue contribuir al conocimiento de la epidemiología de la QIB evaluando la prevalencia de especies de *Moraxella* (*M. bovis*, *M. bovoculi*, *M. ovis*) presentes en rodeos lecheros de la cuenca santafesina. Se utilizaron animales de dos rodeos lecheros con antecedentes de brotes de QIB. Se tomaron muestras de 47 animales (crianza artificial y recria), en diferentes estadios de la enfermedad, mediante hisopado de la mucosa y conjuntiva ocular. El hisopo fue utilizado para sembrar el material en placas de agar sangre (5 %) Columbia las cuales fueron incubadas a 37 °C durante 24 h.

Luego se replicaron colonias con características del género *Moraxella* (beta hemolíticas, pequeñas y grises) y fueron incubadas nuevamente. Posteriormente se realizaron pruebas bioquímicas (tinción de Gram, catalasa, oxidasa, TSI, nitratos) y los aislamientos presuntivos fueron conservados a -80 °C en medio crioprotector. Para confirmar género y especie de *Moraxella* se utilizó la técnica de PCR siguiendo el protocolo de [ZHENG y col. \(2019\)](#) con modificaciones. Se obtuvieron 32 aislamientos los cuales fueron clasificados como *Moraxella spp.* por pruebas bioquímicas y el 100 % de ellos presentaron, luego de realizar la PCR, un amplicón compatible con género *Moraxella*. En el 72 % (n=23) de los aislamientos, se observó un amplicón compatible con *M. bovoculi* y en el 28 % (n=9) restante se observó un amplicón compatible con *M. bovis*. Si bien estos son resultados preliminares, estarían indicando que la especie de *Moraxella* prevalente en los rodeos con antecedentes de brotes de QIB sería *M. bovoculi*. Estos datos ameritan la realización de estudios epidemiológicos en mayor cantidad de rodeos que contribuyan a mejorar el conocimiento de los agentes etiológicos presentes en casos de QIB y su relación patogénica en la enfermedad, permitiendo de esta forma desarrollar estrategias y/o herramientas de control con base en ciencia.

Palabras clave: QIB, *M. bovoculi*, prevalencia, rodeos lecheros.

EJE

Resistencia a los Antimicrobianos



**Congreso de
Microbiología
Veterinaria**

Detección de enzimas 16S ARN metiltransferasas en enterobacteriales resistentes a ceftriaxona, aislados de pollitos de un día

NADIA COPPOLA¹, NICOLÁS F. CORDEIRO¹, GUSTAVO TRENCHI MOREIRA², PABLO ZUNINO¹, INÉS BADO¹ Y RAFAEL VIGNOLI¹

¹ Departamento de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

² Veterinario de libre ejercicio de la profesión. Montevideo, Uruguay

³ Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas «Clemente Estable» (IIBCE). Montevideo, Uruguay

nadiacoppolafon@gmail.com

Los aminoglucósidos son una alternativa para el tratamiento de infecciones por bacilos gramnegativos multirresistentes. Con su uso, surge la necesidad de vigilar su resistencia. Si bien los mecanismos más frecuentes son las modificaciones enzimáticas del antibiótico mediadas por fosfotransferasas, acetiltransferasas o nucleotidiltransferasas, la emergencia de metilasas del ARNr ribosomal (16S-RMTasas) confieren resistencia a todos los aminoglucósidos, amenazando la utilidad de este recurso. Nuestro objetivo fue la búsqueda de enzimas 16S-RMTasas en *Enterobacteriales* resistentes a ceftriaxona (CRO-R) aislados de muestra fecales de pollitos de un día importados de Brasil. Para ello se recogieron heces del fondo de caja contenedora de pollitos, de 8 embarques durante los años 2018-2019, sembradas en agar

MacConkey lactosa con 1mg/L de ceftriaxona. Identificadas por MALDI-TOF y el estudio de sensibilidad por sensitre. A los aislamientos resistentes a amikacina y gentamicina se les realizó búsqueda por PCR y secuenciación de genes codificantes de las 16S-RMTasas. Se secuenció el genoma completo de uno de los aislamientos con metilasas. Se estudiaron 28 aislamientos de Enterobacterales CRO-R provenientes de los 8 embarques, 5 de los cuales eran resistentes a ceftriaxona y a aminoglucósidos. Los 5 aislamientos fueron *Enterobacter cloacae*, y se aislaron en 2/8 embarques. Se evidenció la presencia de 16S-RMTasas de tipo *rmtG* en los 5. Adicionalmente, se hallaron genes transferibles de resistencia a oxiiminocefalosporinas (*bla*_{CTX-M2} y *bla*_{CTX-M15} en 4/5 y en 1/5 aislamientos, respectivamente), a fluoroquinolonas (*qnrB19* en 3/5), a colistina (*mcr9.1* en 4/5) y a fosfomicina (*fosA* en 2/5). El gen *rmtG* se habría insertado por recombinación dentro de un fragmento de 1271 pb en un plásmido (pUR-EC3.1) *incQ*, de 7400pb sustituyendo parte del gen *SulII* y una transposasa de la familia IS91. En el presente trabajo presentamos evidencia del ingreso al país del gen *rmtG* en un nuevo entorno genético, y *mcr9.1* desde Brasil, junto con otros mecanismos de resistencia a antibióticos de importancia crítica para la salud humana y animal. Esto podría poner en riesgo las medidas tendientes a disminuir la diseminación de la resistencia a antimicrobianos.

Palabras clave: aminoglucósidos, enterobacterales, 16S-RMTasas, *rmtG*.

***Escherichia coli* multirresistentes portadores del gen *bla*_{CTX-M} aislados de pollos frescos de pollerías de la ciudad de La Plata**

**MARÍA FERNANDA GÓMEZ¹, MARÍA LAURA MENESES¹,
LUCÍA GALLI² Y FABIANA ALICIA MOREDO¹**

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) (CONICET-UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

fernandagomezmedvet@gmail.com

El rápido aumento de infecciones producidas por *Escherichia coli* con resistencia a antimicrobianos (RAM) de importancia crítica, cefalosporinas de tercera generación (3GC), colistina y fluoroquinolonas, es motivo de grave preocupación, ya que dificulta el tratamiento de infecciones con alta morbilidad, mortalidad y gastos médicos importantes, así como grandes pérdidas económicas en los establecimientos dedicados a la producción de animales para consumo humano. El objetivo del estudio fue determinar la presencia de *E. coli* resistentes a 3GC, colistina, fosfomicina y tetraciclina en pollo fresco comprados en bocas de expendio de la ciudad de La Plata. Se compraron dos pollos frescos en dos pollerías de La Plata. La piel y parte de carne se pre-enriquecieron en agua peptonada bufferada, y luego de 18 horas de incubación a 37 °C, 30 ul de cada muestra se repicaron en agar Mac Conkey (MC) adicionado con 4ug/ml de cefotaxima (MC-CTX), en MC adicionado con 2 ug/ml de sulfato de colistina (MC-COL) y en EMB con discos de fosfomicina (FOS) y

tetraciclina (TET). Los *E. coli* aislados se identificaron con pruebas bioquímicas tradicionales. La determinación del comportamiento frente a diversos antimicrobianos se realizó según el CLSI 2019; frente a colistina mediante el «agar spot». En total se obtuvieron 9 *E. coli* multirresistentes, 4 de la boca de expendio A y 5 de la B. Ninguno se caracterizó genotípicamente como diarreigénico. Presentaron sensibilidad frente a colistina, a carbapenemes y a aminoglucósidos. Los 7 *E. coli* con fenotipo BLEE portaron el gen *bla*_{CTX-M}.

Aislamientos		FENOTIPO RESISTENTE	
	Pollería A	Pollería B	
1	AMP, CTN, FOX, NAL, CIP, TET	CTX, CAZ, FOX, NAL CIP, CLO (BLEE +)	
2	CTX, TMS, TET (BLEE +)	CTX, CAZ, NAL CIP, CLO (BLEE +)	
3	CTX, TMS (BLEE +)	CTX, CAZ, FOX, NAL CIP, FOS, CLO, TET (BLEE +)	
4	AMP, CTN, NAL, FOS, TET	CTX, CAZ, NAL CIP, FOS, CLO, TET (BLEE +)	
5		AMP, CLO, TET	

AMP: ampicilina; CTN: cefalotina; FOX: cefoxitina; CTX: cefotaxima; ceftazidima; NAL: ácido nalidíxico; CIP: ciprofloxacina; CLO: cloranfenicol; TMS: trimetoprima-sulfametoxazol; FOS: fosfomicina; TET: tetraciclina. BLEE: fenotipo

Este estudio preliminar permite corroborar la idea de que *E. coli* multirresistentes puedan transmitirse de fuentes alimentarias como la carne de pollo a humanos, ocasionando un serio problema de salud pública. Por lo cual deberá promoverse el uso racional de

antimicrobianos así como también las buenas prácticas de manipulación de alimentos.

Palabras clave: *Escherichia coli* multiresistente, gen *bla*_{CTX-M}, carne de pollo fresco.

Perfil fenotípico de resistencia a los antimicrobianos en pinzones terrestres de tres zonas de la isla Santa Cruz en Galápagos

MARÍA INÉS BAQUERO¹, SANDRA PÍA MARILYN CRUZ BEDÓN², VIVIANA MARGARITA DUQUE SUÁREZ², EDGAR ALBERTO VÉLEZ PINEDA², CHRISTIAN V. VINUEZA BURGOS¹ Y GABRIELA ISABEL GIACOBONI³

¹ Universidad Central del Ecuador (UCE). Pichincha, Quito, Ecuador

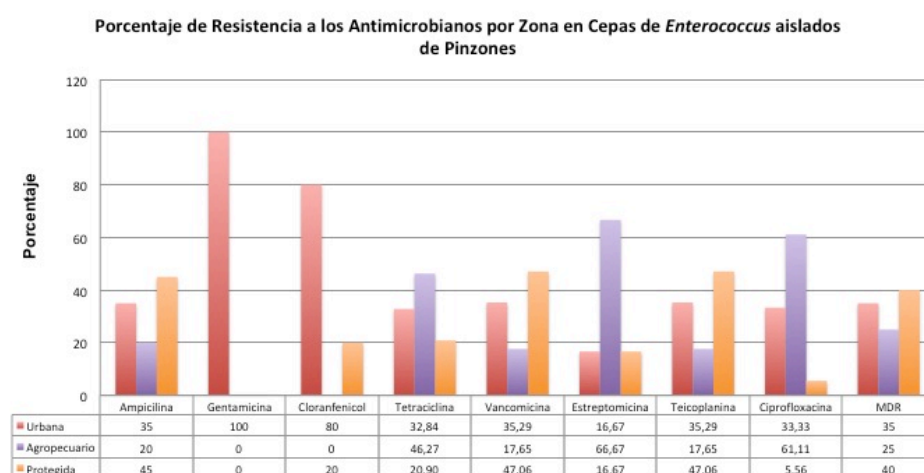
² Agencia de Regulación y Control para la Bioseguridad y Cuarentena de Galápagos. Puerto Ayora, Galápagos, Ecuador

³ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

mibaquero@uce.edu.ec

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa un problema importante en la salud global. Bacterias, tales como los *Enterococcus* spp., son empleados como microorganismos centinela, para la determinación de la ocurrencia de la RAM. A su vez, se han aislado bacterias RAM en diversas especies de aves silvestres, siendo estas propuestas como potenciales reservorios y dispersores de genes de resistencia en el ambiente. El objetivo de esta investigación fue determinar los perfiles fenotípicos de RAM en *Enterococcus* spp., en la Isla Santa Cruz, Galápagos. Se colectó un total de 374 hisopados cloacales de pinzones terrestres, correspondientes a la zona urbana (n= 128), agropecuaria (n= 126) y protegida (n= 120) de la Isla. Las muestras fueron conservadas en caldo BHI, hasta su procesamiento.

Se aisló e identificó bioquímicamente un total de 334 cepas de *Enterococcus*, de las cuales, el 41 % correspondió a la zona urbana, el 33,8 % a la zona agropecuaria y el 25,15 % a la zona protegida. Los antimicrobianos utilizados para la determinación de la RAM por la técnica de Kirby Bauer, se basó en lo indicado por la AGISAR-WHO y los puntos de corte fueron los definidos por el CLSI. Se observó un 20 % de resistencia a la tetraciclina, 7 % a la estreptomicina, 6 % a la ampicilina, 5 % a la vancomicina, teicoplanina y ciprofloxacina y 1 % a la gentamicina y cloranfenicol. Además, se identificaron 20 cepas multidrogorresistentes (5,98 %), correspondiendo el 40 % a la zona protegida, el 35 % a la zona urbana y el 25 % a la zona agropecuaria. La zona agropecuaria y protegida mostraron los mayores porcentajes de RAM para la mayoría de antimicrobianos analizados en este estudio. La resistencia en estas zonas podría estar relacionada con el uso de antibióticos en animales de producción, así como en la zona protegida, por la posible interacción con aves silvestres migratorias; estos factores deberán ser evaluados.



Palabras clave: resistencia antimicrobiana, *Enterococcus*, pinzones, Galápagos.

***Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina en cerdos posdestete**

**GABRIELA ISABEL GIACOBONI¹, HERNÁN NIEVAS¹,
ESTEFANÍA PÉREZ², VICTORIO FABIO NIEVAS¹ Y FABIANA
ALICIA MOREDO¹**

¹ Laboratorio de Bacteriología y Antimicrobianos (LaByAn), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio Microvet. General Madariaga, Buenos Aires, Argentina

gigiacoboni@gmail.com

Staphylococcus aureus con resistencia a la meticilina (SARM) es un patógeno zoonótico emergente y una de las principales causas de infecciones hospitalarias (HA-SARM) y de la comunidad (CA-SARM) en humanos. En los animales, empezó a considerarse cuando se identificó la línea genética ST398 en cerdos, sumándose una nueva categoría LA-SARM (Livestock-Associated SARM). La resistencia a la meticilina implica resistencia a la mayoría de los antimicrobianos beta-lactámicos y se asocia a resistencia frente a otras familias de antibióticos. En nuestro país, se aislaron SARM del complejo clonal 1 (CC1) asociado a infecciones humanas, a partir de hisopados de fosas nasales de cerdos de 154 días de vida. El objetivo de este trabajo fue continuar con la pesquisa de SARM en esta especie doméstica que por su sistema de cría tiene estrecho contacto con el hombre. En marzo de 2021 se procesaron 8 hisopados nasales de cerdos de 27 días, provenientes de una granja de cría intensiva de la provincia de Santa Fe. Las muestras se sembraron en caldo tripticasa soya adicionado con 6,5 % de ClNa y se incubaron 12 horas a 37 °C. Posteriormente, se repicaron en CHROMagar™ MRSA y se dejaron en estufa a 37 °C por

24 horas. Las colonias sospechosas se confirmaron como *S. aureus* por pruebas bioquímicas convencionales. La sensibilidad antimicrobiana se determinó por método de difusión según el CLSI. Para confirmar la resistencia a la meticilina se realizó la detección del *mecA*. Se aisló *S. aureus* a partir de cuatro muestras (50 %). Los 4 aislamientos presentaron resistencia a cefoxitina y fueron *mecA* positivos, resistentes a eritromicina, clindamicina, tetraciclina, ciprofloxacina, cloranfenicol y sensibles a gentamicina, nitrofurantoína, rifampicina y linezolid. A pesar de que aún no se realizó la tipificación clonal, su aislamiento e identificación reafirma la circulación de SARM en granjas porcinas de nuestro país.

Palabras clave: SARM, cerdos, mutirresistencia.

Perfil de sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Campylobacter fetus* de origen reproductivo

MAGDALENA GALLAND PINARD^{1,2}, CLAUDIA GRACIELA MORSELLA³, CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{2,4}, FERNANDO ALBERTO PAOLICCHI³, PEDRO SOTO^{4,5}, MARÍA DEL CARMEN CATENA¹, GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹, CLAUDIA INÉS CAGNOLI¹ Y MARÍA LAURA CHIAPPARRONE¹

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio de Bacteriología, Área de Producción Animal, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

⁴ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Microbiología, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva (CIVETAN), Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Laboratorio Biológico de Tandil SRL (BIOTANDIL®). Tandil, Buenos Aires, Argentina

mlchiapp@vet.unicen.edu.ar

Campylobacter fetus subsp. *venerealis* y *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* son causales de la campylobacteriosis genital bovina, una de las enfermedades reproductivas más frecuentes de los rodeos bovinos de Argentina y el mundo. La información disponible en relación a la sensibilidad antimicrobiana de *C. fetus* es escasa debido a la baja frecuencia con que se realiza el aislamiento y el tratamiento de la enfermedad. El objetivo de este estudio fue evaluar los perfiles de

sensibilidad antimicrobiana de 20 cepas de *C. fetus* aisladas del tracto reproductor y de abortos de rodeos bovinos de la provincia de Buenos Aires entre 2000 y 2014. La sensibilidad antimicrobiana se evaluó mediante el método de difusión en placa de acuerdo a lo descripto por el Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI, 2017) y el European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST, 2020) para *C. jejuni* y *C. coli*, con las modificaciones requeridas para *C. fetus*. Los antimicrobianos evaluados fueron: penicilina, ampicilina, amikacina, estreptomina, gentamicina, cefalotina, florfenicol, ciprofloxacina, eritromicina, tilmicosina, ácido nalidíxico y oxitetraciclina. Las cepas de ambas subespecies fueron resistentes al ácido nalidíxico y sensibles al resto de los antimicrobianos evaluados. Si bien los resultados obtenidos por el método de difusión en placa demuestran que las cepas de *C. fetus* de origen bovino serían sensibles a los antimicrobianos utilizados de rutina en la clínica veterinaria, no son concluyentes ya que necesariamente debe definirse la Concentración Inhibitoria Mínima para cada uno de ellos. En forma complementaria, y si bien los resultados nos permitirían inferir que el tratamiento de los animales infectados sería exitoso, deben realizarse ensayos *in vivo* para evaluar la respuesta al tratamiento. La sensibilidad antimicrobiana *in vitro* no necesariamente se traduce en éxito terapéutico ya que éste depende de factores como la dosificación, el intervalo entre dosis, la vía de administración, las características del antimicrobiano, la respuesta inmunitaria del animal en el caso de los antimicrobianos bacteriostáticos, entre otros. Cabe destacar que la importancia de este estudio radica en los escasos antecedentes en el tema para cepas de *C. fetus* de la región, el país y el mundo.

Palabras clave: Sensibilidad antimicrobiana, *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis*, *Campylobacter fetus* subsp. *fetus*, tratamiento.

Frecuencia de aislamiento de patógenos bacterianos a partir de muestras de orina de perros y su sensibilidad a la enrofloxacina

CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{1,2}, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE¹, GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹, SOFÍA MARTÍNEZ^{3,4} Y MARÍA JOSÉ DEL SOLE^{3,4}

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Hospital Escuela de Pequeños Animales (HEPA), Departamento de Clínica, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN). Tandil, Buenos Aires, Argentina

cacciato@vet.unicen.edu.ar

La infección del tracto urinario (ITU) se entiende como la entrada, multiplicación y persistencia de un agente infeccioso en el sistema urogenital y produce una enfermedad de presentación frecuente en perros. Los microorganismos aislados con mayor frecuencia son *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Proteus* spp. y *Enterococcus* spp. En la clínica diaria habitualmente, la terapia antibiótica se instaure de manera empírica y con base en la predictibilidad de los patógenos más comunes. Uno de los antimicrobianos más ampliamente utilizados en caninos es la enrofloxacina. En el presente trabajo, se reporta la frecuencia de aislamientos bacterianos a partir

de muestras de orina de caninos con ITU entre 2018-2021 y su sensibilidad a la enrofloxacin. Las muestras de orina obtenidas por cistocentesis, provinieron mayoritariamente del Hospital Escuela de Pequeños Animales (HEPA-FCV-UNCPBA) y de veterinarias de actividad privada. De un total de 53 (100 %) de muestras remitidas, 40 (75,5 %) tuvieron aislamiento positivo y 13 (24,5 %) fueron negativas. La frecuencia de aislamiento fue de 15 (37,5 %) para *E. coli*, 9 (22,5 %) para *Enterococcus* spp., 6 (15 %) para *Staphylococcus* spp., 4 (10 %) para *Proteus* spp., 2 (5 %) para *Pseudomonas* spp., 2 (5 %) para *Corynebacterium* spp., 1 (2,5 %) para *Enterobacter* spp. y 1 (2,5 %) para estreptococos beta-hemolíticos. Nueve (60 %) de los aislamientos de *E. coli* y cinco (83,3 %) de los de *Staphylococcus* spp. fueron resistentes a la enrofloxacin, mientras que los dos aislamientos de *Pseudomonas* spp. mostraron resistencia intermedia a la misma droga. La frecuencia de aislamiento de los agentes bacterianos coincide con lo reportado por la bibliografía de referencia. Con respecto a su comportamiento frente a la enrofloxacin, un elevado porcentaje de los aislamientos fue resistente. Los resultados permiten inferir que los principales agentes bacterianos causales de ITU serían resistentes a una de las drogas utilizadas en la clínica veterinaria, como consecuencia de su uso indiscriminado. La concientización sobre el uso racional de antimicrobianos es de fundamental importancia, como así también debe hacerse hincapié en el diagnóstico microbiológico de ITU y la realización del antibiograma, para realizar un tratamiento adecuado de esta enfermedad.

Palabras clave: perros, infección del tracto urinario, enrofloxacin, *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*.

Sensibilidad antimicrobiana *in vitro* de *Staphylococcus spp.* causante de infecciones agudas respiratorias en pequeñas especies

RODOLFO ALBERTO PEREA CANTERO Y IVONNE BARRERA JIMÉNEZ

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco. Ciudad de México, México

rperea@correo.xoc.uam.mx

En este trabajo se estudió *in vitro* la actividad de 12 antimicrobianos frente *Staphylococcus spp.*, causante de infecciones agudas respiratorias en cánidos, con el objetivo de preparar alternativas terapéuticas para este tipo de afecciones practicando un tratamiento racional. Se estudiaron 800 aislados de *Staphylococcus spp* (214 de *S. aureus* y 586 de *S. pseudintermedius*), obtenidos de perros de ambos sexos y de todas las edades, con manifestaciones clínicas de infección respiratoria aguda adquirida. Las muestras se obtuvieron de secreción o aspirado ótico, exudado nasofaríngeo, aspirado de senos paranasales y expectoración. La determinación de sensibilidad antimicrobiana y de las CMI 50 y 90 (tomando en cuenta lo establecido por la CLSI) se llevaron a cabo utilizando la técnica de microdilución en placa para bacilos grampositivos versión 1.06. Vitek 2 (bioMérieux). Se empleó la tarjeta ID-GPC con antimicrobianos prescritos para su tratamiento en la práctica clínica diaria. Los resultados se presentan en el CUADRO 1. El Ceftibuten resultó el de mayor sensibilidad para los microorganismos estudiados en porcentajes de sensibilidad y concentraciones inhibitorias mínimas, por lo cual fue seleccionado del grupo de las

cefalosporinas para investigaciones ulteriores. El método microbiológico *in vitro* resultó válido, tanto para la identificación bacteriana como para la determinación de susceptibilidad antimicrobiana, lo que permite predecir su eficacia *in vivo* y probabilidad de éxito terapéutico. De esta manera se reduciría la incertitud terapéutica y el posible fracaso frente a infecciones respiratorias agudas en la práctica clínica.

Concentraciones Inhibitorias Mínimas y Susceptibilidad <i>Staphylococcus aureus</i> y <i>Staphylococcus pseudintermedius</i>					
Antibiótico	Sensibilidad % de cepas	Sensibilidad intermedia % de cepas	Resistencia % de cepas	CIM 50 mcg/ml	CIM 90 mcg/ml
Amoxicilina	48.8	24.14.	27.0	2	8
Amoxicilina/cl avulinato	65.0	14.7	20.3	1	8
Cefalexina	67.1	14.0	18.9	4	32
Cefdinir	56.6	24.2	19.2	0.5	4
Cefixima	51.3	24.9	23.8	1	8
Cefditoren	63.8	22.1	14.1	1	4
Ceftibuten	97.9	0	2.1	0.12	1
Cefuroxima	62.9	22.4	14.7	1	4
Claritromicina	86.7	8	5.3	0.06	0.5
Gemfloxacina	78.2	15.4	6.4	0.06	0.25
Moxifloxacina	78.3	11.9	9.8	0.5	2
Levofloxacina	75.6	16.4	8.0	0.5	4

CUADRO 1. Sensibilidad intermedia, resistencia y concentraciones inhibitorias mínimas (CIM) 50 y 90

Palabras clave: antimicrobianos, Ceftibuten, *in vitro*, perros, vías respiratorias.

Primer aislamiento de *Enterobacter cloacae* productor de Nueva Delhi Metalobetalactamasa (NDM) en un felino de Argentina

JAVIER ALEJANDRO MAS¹, ANDREA ELOÍSA ARGÜELLO¹,
MARIELA REGONAT² Y MARÍA VALERIA RUMI^{3,4}

¹ Laboratorio Diagnotest. Buenos Aires, Argentina

² Actividad profesional privada. Buenos Aires, Argentina

³ Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁴ Centro de Estudios Transdisciplinarios de Epidemiología (CETE), Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

mvrumi@fvvet.uba.ar

La resistencia a carbapenemes es una preocupación para la salud pública ya que estos antibióticos se consideran una de las últimas terapias eficaces disponibles para tratar infecciones graves causadas por microorganismos multirresistentes. En 2009, se describe una metalo- β -lactamasa Nueva Delhi (NDM), aislada en una persona hospitalizada en India. Estas enzimas, capaces de hidrolizar carbapenemes, se encuentran con frecuencia en elementos genéticos móviles y están extendidas mundialmente. *Enterobacter* spp. constituye uno de los géneros donde se suele informar, aunque en muchos países no está bien documentado y, en animales, menos aún. Reportamos el primer aislamiento clínico de *Enterobacter cloacae*, productor de NDM en mascota con infección urinaria en CABA. Se presentó a consulta un felino macho, 10 años, común europeo, con

signos de disuria y micciones ectópicas, vejiga pletórica que se intentó desobstruir sin éxito. Por ecografía se observó líquido libre en abdomen, litiasis vesical múltiple, riñones conservados, tamaño aumentado, relación cortico-medular alterada, corteza hiperecoica compatible con nefritis. Se realizó cirugía abdominal para extracción de litos vesicales y uretrostomía. Recibió cefalexina oral cada 12 h una semana como profilaxis pos-quirúrgica. A los tres días presentó disuria, micciones ectópicas, hematuria y esfuerzo por orinar. Análisis urinario: ámbar claro, D=1035, pH=6, proteínas 0,8g/L, hemoglobinuria +, leucocitos 1-4/campo, hematíes aislados, piocitos y células epiteliales escasas. Tratamiento enrofloxacin 5 mg/kg/24 h por diez días. El paciente presentó anemia leve y pérdida de apetito. Se detectó *Mycoplasma* spp. Se prescribió doxiciclina 5 mg/kg/12 h. A pesar del aumento de peso y mejora clínica continuó con signos urinarios por presentar orificio uretral pequeño. Se remitió orina para cultivo y se realizó otra uretrostomía. La identificación y sensibilidad antimicrobiana se realizó mediante Vitek2 Systems. Los resultados confirmaron *Enterobacter cloacae* complex, resistente a ampicilina, amoxicilina-clavulánico, ceftiofur, ceftazidima, cefovecin, imipenem, gentamicina, amikacina, ciprofloxacina, enrofloxacin, marbofloxacina, doxiciclina, trimetoprima-sulfametoxazol. Posible carbapenemasa o β -lactamasas + impermeabilidad. El ANLIS-Malbrán confirmó *Enterobacter xiangfangensis* (score 2.438), especie parte de *Enterobacter cloacae* complex por MALDI-TOF y NDM + mediante PCR, sensible a tigeciclina, fosfomicina y colistina. Se continuó monitoreando el estado clínico del paciente, siendo estable sin terapia antibiótica ya que la sensibilidad indicaba antibióticos reservados para uso humano.

Palabras clave: *Enterobacteriaceae*, animales de compañía, resistencia antimicrobiana, NDM, multirresistencia.

High rates of multidrug-resistance in *Enterococcus* spp. isolated from dogs and cats in Lima, Perú

VERÓNICA KAREN CASTRO PÉREZ^{1,4}, RENZO GIOVANNI CHÁVEZ CABRERA^{2,4}, CRISTIAN ALEX OBANDO YUCRA^{2,4}, LUIS MIGUEL JARA¹, ALEJANDRA DEL PILAR ALARCÓN MORENO^{3,4}, ALDO REYNOSO PAZ⁴ Y ROY ANDRADE^{1,4}

¹ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH). Lima, Perú

² Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM). Lima, Perú

³ Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Ricardo Palma (URP). Lima, Perú

⁴ Laboratorio Veterinario A. R. Bioanálisis. Lima, Perú

veronica.castro@upch.pe

Enterococcus spp. are opportunistic pathogens which can rapidly acquire antimicrobial resistance causing septicemia, endocarditis or nosocomial infections in humans and animals. The purpose of this study was to identify and determine the antimicrobial susceptibility of enterococci isolated from dogs and cats which were examined in veterinarian clinics in Lima, Perú during 2019-2020. A total of 125 grampositive catalase negative cocci were isolated from urine, skin, ear, oral, abdominal, pharyngeal and abscess samples. Antimicrobial susceptibility was tested by the disk diffusion method. Inhibition zone diameters were interpreted according to the Clinical Laboratories Standards Institute (CLSI), breakpoints (CLSI, 2018) and, when breakpoints were unavailable for bacteria of animal origin, according to the human CLSI breakpoints (CLSI, 2021). As a result, *Streptococcus*

spp. and *Enterococcus* spp. were identified in 57.6 % (72/125) and 42.4 % (53/125), respectively. 64 % (34/53) was *E. faecalis*, 21 % (11/53) *E. faecium* and 15 % (8/53) other *Enterococcus* species. *E. faecium* showed the most active resistance to doxycycline and erythromycin in 63.6 % (7/11) of the strains. Furthermore, *E. faecalis* was resistant to doxycycline and erythromycin in 29.4 % (10/34) and 52.9 % (18/34), respectively. In addition, high-level streptomycin and gentamicin resistance was observed in 35.3 % (12/34) and 38.2 % (13/34) on *E. faecalis* strains, respectively. On the other hand, low resistance to vancomycin was observed in *E. faecium* (9.1 % [1/11]) and *E. faecalis* (11.8 % [4/34]). It was also analyzed frequency of multidrug-resistant (MDR), extensive drug resistance (XDR) and pan-drug resistance (PDR), among isolates. Therefore, *E. faecium* MDR was isolated in 81.8 % (9/11) strains and *E. faecalis* MDR in 44.1 % (15/34). Moreover, one *E. faecalis* strain isolated from the abdominal area of a dog was a possible XDR, because it showed resistance to six antimicrobials categories (penicillin, tetracycline, streptomycin, aminoglycosides, carbapenems and fluoroquinolones). *Enterococcus* spp. MDR was identified in 37.5 % (3/8) strains. Thus, most strains showed resistance to tetracyclines and macrolides. A significant number of *Enterococcus* MDR were identified for the first time in companion animals in Lima, Perú. Antimicrobial resistance in pets is a serious concern and it is important to screen and detect because it can be transferred to humans or other animals.

Keywords: *Enterococcus faecium*, tetracycline, gentamicin, multidrug-resistant, companion animals.

Frequency of multidrug, extensively drug and pandrug-resistant bacteria isolated from external otitis and dermatitis in dogs

MARÍA DEL CARMEN MANRIQUE VALENTÍN¹, VÍCTOR MANUEL AQUINO SANI¹, VERÓNICA KAREN CASTRO PÉREZ^{1,2} Y LUIS MIGUEL JARA¹

¹ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH). Lima, Perú

² Laboratorio Veterinario A. R. Bioanálisis. Lima, Perú

luis.jara.s@upch.pe

The increase in multi-drug resistance of bacteria from animals has been registered worldwide. The aim of this study was to report the frequency of multidrug-resistant (MDR), extensively drug-resistant (XDR) and pandrug-resistant (PDR) bacteria isolated from external otitis and dermatitis in dogs. A total of 587 antimicrobial susceptibility records were analyzed between 2014 and 2017 from pets that were examined at an University Veterinary Clinic in the northeast of Lima, Perú. Antimicrobial susceptibility was determined by disk-diffusion method according to the Clinical Laboratories Standards Institutes breakpoints. Grampositive strains were identified in 71.2 % (418/587) and 0.2 % (1/587) as *Staphylococcus* spp. and *Streptococcus* spp., respectively. Enterobacteriaceae were identified in 3.4 % (20/587), 2.9 % (17/587), 1.5 % (9/587) and 0.2 % (1/587) as *Proteus* spp., *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp. and *Citrobacter* sp., respectively. The 20.27 % (119/587) were identified as *Pseudomonas* spp., and 0.32 % (2/587) as non-

fermenting gramnegative bacillus. The 22.7 % (95/418) of *Staphylococcus* spp. were MDR and resistant to cephalosporins. Also, the 35.16 % (147/418) of MDR strains were resistant to three or more antibiotics categories. On the other hand, the 2.39 % (10/148) of *Staphylococcus* spp. were resistant to at least one agent of all the antimicrobial categories, considering possible PDR. The 2.13 % (1/47) of *Proteus* sp. from dermatitis was a possible XDR as it shows resistance to at least one agent of the eight categories (folate pathway inhibitors, fluoroquinolones, penicillin and beta-lactamase inhibitors, first and third-generation cephalosporins, carbapenems, aminoglycosides and tetracyclines). The frequency of MDR Enterobacteriaceae strains were 19.15 % (9/47) because they were resistant to five, six and seven antimicrobial categories; therefore, it could be considered as possible XDR. Finally, the 1.65 % (2/121) strains of *Pseudomonas* spp. from otitis were MDR since they were resistant to fluoroquinolones, cephalosporins and aminoglycosides, but susceptible to carbapenems. There was no association between the frequency of MDR bacteria and sex or age ranges. In our study, most *Staphylococcus* strains and an important group of gramnegative isolates were MDR. Bacteria carrying antimicrobial resistance to more than one category limit the antibiotic therapy choices in small animals. Its epidemiological surveillance based on the One-Health approach are important because these bacteria could be transmitted to humans.

Keywords: *Staphylococcus*, antimicrobial resistance, Enterobacteriaceae, MDR, PDR, pets.

Sensibilidad antimicrobiana de cepas de *Salmonella* serovar Enteritidis y *Salmonella* serovar Typhimurium aisladas de granjas avícolas de la provincia de Entre Ríos

TERESA MAGALÍ HOFFMANN^{1,3}, MARIO ALBERTO SORIA² Y DANTE JAVIER BUENO³

¹ Estación Experimental Agropecuaria Concepción del Uruguay (EEA-INTA Concepción del Uruguay); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Entre Ríos, Argentina

² Estación Experimental Agropecuaria Concepción del Uruguay (EEA-INTA Concepción del Uruguay). Entre Ríos, Argentina

³ Facultad de Ciencia y Tecnología, Sede Basavilbaso, Universidad Autónoma de Entre Ríos (UADER). Entre Ríos, Argentina

magalihoffmann@gmail.com

Salmonella Enteritidis (SE) y *S. Typhimurium* (ST) son serovares de *Salmonella* spp., que como agentes zoonóticos pueden encontrarse en granjas avícolas. Estas bacterias logran permanecer en carne y huevos, pudiendo causar intoxicaciones por alimentos en humanos. Una de las estrategias para el control de estos serovares es a través del uso de antimicrobianos. Por ello, se buscó determinar la sensibilidad a distintos antibióticos (ATB) en cepas de SE y ST, aisladas de granjas avícolas de la provincia de Entre Ríos. Se estudiaron 198 cepas de SE y 30 cepas de ST, que fueron aisladas durante 2019 y 2020. Se utilizó el método de difusión en discos de Kirby-Bauer y se calculó el porcentaje de cepas resistentes a múltiples antibióticos (MDR, resistencia a un antibiótico de tres o más clases) y el índice de resistencia múltiple a los

antibióticos (IRMA), considerándose para este último el valor mayor a 0,20 como de alto riesgo. El diámetro del halo de inhibición del crecimiento fue el parámetro determinado para considerar una cepa como sensible, intermedia o resistente (según CLSI o EUCAST, dependiendo el ATB) a cada uno de los 52 ATB estudiados, pertenecientes a 13 clases diferentes. También, se realizó el test de colistina (Coltest). Todas las cepas fueron resistentes a eritromicina. En referencia a las cepas de SE, el 44 % de las mismas fueron MDR, aunque sólo el 5 % presentaron un IRMA mayor a 0,20. Nitrofurantoína (100 %), sulfonamidas (52,5 %) y ácido nalidíxico (51 %) fueron los ATB que presentaron mayor resistencia. En cuanto a las cepas de ST, el 27 % de las mismas fueron MDR, mientras que el 6 % presentaron un IRMA mayor a 0,20. Sulfonamidas (44 %), tetraciclina (33 %) y doxiciclina (33 %) fueron los ATB que presentaron mayor porcentaje de resistencia. Respecto al test de colistina, el 91,4 % de las SE fueron resistentes y el 100 % de las ST fueron sensibles. En general, aunque el IRMA de las cepas de ST y SE aisladas de granjas avícolas de Entre Ríos es bajo, no se puede desestimar debido a la presencia de cepas MDR, sobre todo de SE, que pueden complicar el control de dichos serovares.

Palabras clave: avicultura, *Salmonella*, resistencia antimicrobiana.

Caracterización de los mecanismos de resistencia a oximino-cefalosporinas en aislamientos de *Escherichia coli* procedentes de hisopados rectales caninos en Uruguay

Primer reporte

SILVANA TANIA D'AGOSTO LAICOVSKI², VIRGINIA GARCÍA FULGUEIRAS¹, NADIA COPPOLA¹, INÉS VIDAL CURTINELLA², RODRIGO PUENTES² Y RAFAEL VIGNOLI¹

¹ Departamento de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

² Departamento de Ciencias Microbiológicas, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

sdagosto@gmail.com

El sobreuso de antibióticos beta-lactámicos ha promovido la diseminación de mecanismos de resistencia como beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE), cefalosporinasas de clase C (AmpC) y carbapenemasas (CP) en humanos y animales. Se describen prevalencias de *Escherichia coli* (*E. coli*) resistentes a oximino-cefalosporinas en caninos entre 1 %-55 % asociado a BLEE, AmpC o CP. Nuestro objetivo fue caracterizar los mecanismos de resistencia a oximino-cefalosporinas en cepas de *E. coli* aisladas de hisopados rectales de caninos. Se estudiaron 200 caninos (Facultad de Veterinaria, Uruguay, 2019). Las muestras se sembraron en agar MacConkey Lactosa (1 mg/L de ceftriaxona). La identificación

bacteriana se realizó mediante MALDI-TOF y la susceptibilidad a antibióticos se determinó mediante disco difusión. Para colistina se realizó *screening* en placa (3 mg/L). De acuerdo a los resultados de susceptibilidad se buscaron genes de resistencia mediante PCR y secuenciación para genes codificantes de resistencia a oximino-cefalosporinas, fosfomicina y colistina. Se detectó resistencia a oximino-cefalosporinas en 31/200 caninos (15,5 %). Todos los aislamientos fueron resistentes a ceftriaxona, seguido de amoxicilina-clavulánico (61 %), cefepime (52 %), ceftazidime (45 %), cefoxitín (32 %), meropenem (10 %) e imipenem (6 %), estreptomicina (65 %), gentamicina (39 %), enrofloxacin (29 %), fosfomicina (6 %) y colistina (3 %). No se observó resistencia a amikacina. Los genes caracterizados fueron: *bla*_{CTX-M-15} (n=7), *bla*_{CTX-M-55} (n=2), *bla*_{CTX-M-2} (n=12), *bla*_{CTX-M-8} (n=3), *bla*_{CTX-M-14} (n=3), *bla*_{CMY-2} (n=6) y *bla*_{NDM-1} (n=2). Se detectó coproducción de enzimas en 4 aislamientos (CTX-M-14/-15, CTX-M-2/CMY-2, CTX-M-8/-15, CTX-M-2/-8). Se detectó la presencia de *fosA3* en dos aislamientos (asociados a *bla*_{CTX-M-55} y *bla*_{CTX-M-14}) y *mcr-1* en uno, asociado a *bla*_{CMY-2}. Este es el primer estudio que evidencia la circulación de *E. coli* productoras de BLEE, AmpC, CP, *fosA3* y *mcr-1* recuperadas de heces caninas en Uruguay. La detección de mecanismos de resistencia asociados a colistina y fosfomicina es preocupante ya que no son antibióticos utilizados en caninos en nuestro país. Los caninos estudiados implican un potencial reservorio de genes de resistencia a antibióticos de importancia crítica, que pueden diseminarse entre la población canina y humana ya sea por diseminación de las cepas involucradas ó de los genes codificantes.

Palabras clave: *Escherichia*, CTX-M, CMY-2, NDM-1, *mcr-1*, caninos.

Perfil de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus pseudintermedius* resistentes a meticilina, aislados de dermatitis canina

Resultados preliminares

MARÍA ALEJANDRA COLOMBATTI OLIVIERI¹, VIRGINIA SMITH¹, JEREMÍAS MOREIRA¹, JAVIER ALEJANDRO MAS² Y MARIELA ELIZABETH SREDNIK¹

¹ Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Director técnico del Laboratorio Diagnotest. El Palomar, Buenos Aires, Argentina

mcolombatti@fvvet.uba.ar

Staphylococcus pseudintermedius es el patógeno oportunista más común en perros, relacionado frecuentemente a piodermias. Los aislamientos *S. pseudintermedius* resistentes a metilicina (SPRM) están asociados con portación del gen *mecA*, que codifica una proteína (PBP2a) con baja afinidad por los antibióticos beta-lactámicos. La incidencia de SPRM ha aumentado significativamente en todo el mundo y se ha convertido en un problema importante debido a la resistencia a múltiples fármacos (MDR), además del riesgo potencial de transmisión zoonótica. El objetivo de este estudio fue determinar los perfiles de sensibilidad antimicrobiana y genes de resistencia en SPMR aislados de muestras clínicas de piel de caninos en la región de Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA). Se analizó un total de n=52 estafilococos coagulasa-positivos (ECP) aislados de muestras clínicas de dermatitis canina, obtenidos de un laboratorio de

diagnóstico veterinario de la provincia Buenos Aires. Los aislamientos se identificaron por pruebas bioquímicas convencionales y pruebas moleculares mediante la determinación del gen *nuc*. Se determinó la sensibilidad antimicrobiana por el método de difusión con monodiscos de penicilina (PEN), oxacilina (OXA), clindamicina (CLI), eritromicina (ERY), además de gentamicina (GEN), rifampicina (RIF), cloramfenicol (CLO), tetraciclina (TET), doxaciclina (DO), trimetoprim/sulfametoxazol (TMS) (CLSI, VET01S, 2020) y ciprofloxacina (CIP) (CLSI, M100, 2020) en los aislamientos SPRM. Se realizó el D-test para determinar la resistencia inducible a clindamicina (MLSi) y PCR de los genes *mecA*, *blaZ*, *ermB*, *ermC* y *mrsA*. Del total de aislamientos ECP, 50 pertenecieron al grupo *S. intermedius* (SIG), de los cuales 26 fueron identificados como SPRM. Entre los SPRM, n=12 (46,15 %) fueron MDR, y n=12 (46,15 %) presentaron resistencia extendida (XDR). El perfil de resistencia más frecuente resultó ser: PEN, OXA, FOX, CIP, CLI, ERY, TMS en 8 (30,8 %) aislamientos, y uno de ellos mostró MLSi. Todos los aislamientos SPRM fueron positivos a los genes *mecA*, *blaZ* y *ermB*. Los SPRM representan una amenaza potencial tanto para la salud pública como veterinaria. En nuestro estudio, casi la mitad de los aislamientos fueron MDR, y más del 45 % XDR. Esta información es importante para mejorar nuestro conocimiento sobre la prevalencia de aislamientos resistentes que comprometen las posibilidades terapéuticas disponibles.

Palabras clave: *Staphylococcus pseudintermedius*, resistencia antimicrobiana, resistencia a meticilina.

Determinación de resistencia antimicrobiana en *Staphylococcus pseudintermedius* aislados de muestras clínicas de caninos

ELIZABETH LANCASTER, CAMILA MOREIRA Y LETICIA DIANA

Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

e.lancaster23@gmail.com

El *Staphylococcus pseudintermedius* es un patógeno adaptado a la familia Canidae, es oportunista y vive de forma comensal en piel y mucosas, siendo el patógeno más frecuentemente aislado en la especie *Canis lupus familiaris*. La resistencia a antimicrobianos (RAM) es un problema mundial de creciente impacto en salud humana y animal. Por esta razón se creó el concepto «Una Salud» donde se destaca la importancia de combatir esta problemática de forma unificada. El objetivo de este trabajo fue estudiar la resistencia presente en muestras clínicas de cepas de *Staphylococcus pseudintermedius* obtenidas de caninos como también los genes involucrados en estos mecanismos de resistencia. Se analizaron 34 cepas identificadas como *S. pseudintermedius* por PCR convencional para estudiar la resistencia mediante antibiogramas, siguiendo el método de disco difusión bajo las recomendaciones del Clinical & Laboratory Standards Institute (CLSI). Los antibióticos seleccionados fueron oxacilina, gentamicina, eritromicina, lincomicina y clindamicina. Finalmente, a las cepas resistentes se les buscaron los genes de resistencia (*mecA*, *blaZ*, *ermA*, *ermB*, *ermC*, *msrA*, *InuA*,

aac(6')/aph(2'')) mediante PCR convencional. La resistencia fenotípica encontrada fue un 41,2 % (14/34) a meticilina, 32,3 % (11/34) a gentamicina, 64,7 % (22/34) a eritromicina, 61,7 % (21/34) a clindamicina y 64,7% (22/34) a lincomicina, finalmente 67,6 % (23/34) presentaron resistencia a más de dos familias de antibióticos demostrando ser cepas multirresistentes. Respecto a los estudios moleculares se encontró la presencia del gen *mecA* en 13 de las 14 cepas meticilino resistentes. El gen *blaZ* se encontró en 30 de las 34 cepas estudiadas y de las 11 cepas resistentes a gentamicina 7 presentaron el gen *aac(6')/aph(2'')*. En relación a la eritromicina se encontró solo la presencia del gen *ermB* en las 22 cepas resistentes. Finalmente encontramos la presencia del gen *lnuA* en 3 de las 22 cepas resistentes a lincomicina. Es fundamental continuar con el estudio de más aislamientos y de la resistencia bacteriana en general con el fin de concientizar en el uso responsable de los antimicrobianos.

Palabras clave: *Staphylococcus pseudintermedius*, antibiótico-resistencia, «Una Salud».

Mastitis subclínica en ovejas y sensibilidad antibiótica de los agentes etiológicos aislados

RODOLFO ALBERTO PEREA CANTERO Y IVONNE BARRERA JIMÉNEZ

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco. Ciudad de México, México

rperea@correo.xoc.uam.mx

Se determinó la frecuencia de mastitis subclínicas en ovinos, caracterizando los agentes etiológicos implicados y su sensibilidad antibiótica. Se realizaron estudios durante tres periodos de lactancia, en el 2019, en un hato ovino perteneciente al municipio de Pajacuarán, Michoacán (México). Se concretaron tres visitas de trabajo: la primera en mayo antes del destete y sin ordeño mecánico, la segunda en junio (a mitad de la lactancia) y la última en septiembre (última fase de la lactancia), las ovejas fueron ordeñadas dos veces al día. Se realizó el recuento de células somáticas (RCS) y cultivos bacteriológicos a las muestras de leche de ovejas sin signos de mastitis clínica. Un RCS de 200×10^{-1} células/ml. El número de muestras registradas con RCS superiores al límite máximo presentes en la segunda y tercera visita sugieren la relación entre el ordeño mecánico y la respuesta celular. Todas las bacterias aisladas correspondieron al género *Staphylococcus* de diferentes especies (*aureus*, *aureus* subsp. *anaerobius*, *caprae*, *caseolyticus*, *cromogenes*, *epidermis*, *lugdumensis*, *scheleiferi*, *simulans* y *xylosus*). Para determinar la sensibilidad a los antimicrobianos se cultivó cada cepa en caldo común, a 37 °C /24 h a una turbidez de 0,5 McFarland, 1:9 en solución

salina (1 a 2×10^7 UFC/ml) por duplicado, conteniendo antibióticos en concentraciones $0,25$ a 128 $\mu\text{g/ml}$. La determinación de resistencia/sensibilidad se realizó comparando la mínima concentración que detuvo el crecimiento con tablas del CLSI. Se consideró a las de sensibilidad intermedia dentro del grupo de cepas resistentes. Se calcularon los valores de CIM50 y CIM90 que corresponden a las concentraciones mínimas inhibitorias porcentuales. Todas las cepas fueron sensibles a: penicilina-G, meticilina, cefalotina, vancomicina, clindamicina, eritromicina, rifampicina, pefloxacina y ampicilinasulbactama, excepto dos que presentaron resistencia a clindamicina. Se concluye que estos resultados constituyen una situación ventajosa ya que en otras regiones la resistencia a los antimicrobianos para tratamiento de mastitis comienza a ser un problema sanitario de difícil solución. Se debe desarrollar una estricta vigilancia epidemiológica para mantener niveles mínimos de mastitis y uso racional de antibióticos.

Palabras clave: ovino, ordeño, mastitis subclínica, sensibilidad a antibióticos, células somáticas.

Antimicrobial resistance in marine mammals of the Uruguayan coast

Preliminary results

NATASHA ELIOPULOS¹, LAURA ALSINA GARINO², NADIA CROSIGNANI OUTEDA³ Y LETICIA DIANA⁴

¹ Unidad de Clínica y Cirugías de Pequeños Animales, Departamento de Clínicas y Hospital Veterinario, Facultad de Veterinaria, Universidad de la Republica (UDELAR). Montevideo, Uruguay

² Unidad Anatomía, Departamento de Biociencias, Facultad de Veterinaria, Universidad de la Republica (UDELAR). Montevideo, Uruguay

³ Unidad de Farmacología, Departamento de Clínicas y Hospital Veterinario, Facultad de Veterinaria, Universidad de la Republica (UDELAR). Montevideo, Uruguay

⁴ Unidad de Microbiología, Departamento de Patobiología, Facultad de Veterinaria, Universidad de la Republica (UDELAR). Montevideo, Uruguay

nathyeliopulos@gmail.com

In this work, isolations, identification and determination of antimicrobial resistance of strains of *Enterobacteriaceae* isolated from necropsy samples of a juvenile sea lion (*Otaria flavescens*) from the Isla de Lobos, Uruguay were carried out. The study samples were taken using swabs from the larynx, esophagus, trachea, duodenum and bladder, which were first seeded in Tryptic Soy Agar (TSA) and then in selective and differential culture media for *Enterobacteriaceae* (Xylose Lysine Deoxycholate and Mac Conkey). After the phenotypic identification of the isolates by biochemical tests, their identity was confirmed by amplifying and sequencing a fragment of the gene that codes for 16S rRNA. The online server www.ezbiocloud.net was used for identification. From a total of five gramnegative isolates, three bacterial species were identified, corresponding to *Escherichia coli*,

Escherichia ferrusoni and *Proteus mirabilis*. All the isolates expressed resistance phenotype to Amoxicillin/clavulamic, Sulfa-trimethoprim, Tetracycline, Doxycycline and Streptomycin, while three of the five isolates showed resistance to Ciprofloxacin and two to Enrofloxacin and Cefovecin. Susceptibility analyzes were performed by means of antibiograms following the Kirby-Bauer Disc diffusion method under the recommendations of the Clinical & Laboratory Standards Institute (CLSI). These results provide relevant information on the presence of antimicrobial resistant bacteria in wild marine mammals, demonstrating the need to deepen scientific knowledge on these issues. It is intended to warn about the risk of presence of antimicrobial resistance in marine ecosystems and the potential value of marine fauna as a bioindicator of environmental status, following the one health approach.

Keywords: sea mammals, antibiotics, One Health.

Evaluación de la eficiencia *in vitro* de extractos vegetales polifenoles sobre el crecimiento de *Salmonella enteritidis*, *Salmonella typhimurium*, *S. gallinarum* y *Escherichia coli* aisladas de aves

**YOSEF DANIEL HUBERMAN, ROSANA CLAUDIA MALENA,
JORGELINA LOMÓNACO Y PAULA ANDREA NIEVAS**

Laboratorio de Bacteriología, INTA-EEA Balcarce. Balcarce, Buenos Aires, Argentina

huberman.yosef@inta.gob.ar

A nivel mundial, cepas patógenas de *Salmonella* sp. y *Escherichia coli* causan enfermedades zoonóticas de importancia económica en humanos y animales. Las infecciones humanas generalmente conducen a enfermedades gastrointestinales auto-limitadas; sin embargo, en algunos casos, una infección puede volverse grave debido a la creciente aparición de cepas resistentes a múltiples antibióticos. En la búsqueda de compuestos naturales con propiedades antimicrobianas y antioxidantes para controlar algunos de estos patógenos, el uso de polifenoles, acidificantes, aceites esenciales y polisacáridos es cada vez más común. El empleo de estos compuestos contribuye al reemplazo de los productos químicos, a mejorar la salud pública y aporta a la salud de las aves como también en los índices de producción. En este trabajo se evaluó, mediante pruebas CIM, el efecto de tres productos comerciales sobre el crecimiento *in vitro* de seis cepas de *Salmonella* sp. y dos cepas de *E. coli* aisladas de aves: AES (bisulfato de sodio, polifenoles y pectinas

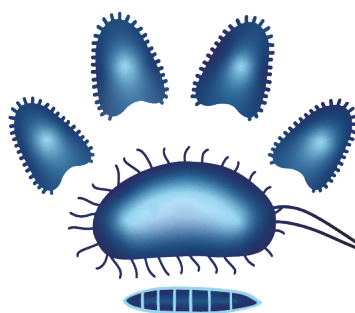
cítricas), Bioquina plus (polifenoles y aceite de eucalipto) y Bioquina MN (polifenoles hidrolizados, pectinas cítricas y aceite esencial). De cada uno de estos productos se prepararon diez diluciones de 0,125-64 mg/mL y se enfrentaron con dos cepas de cada serovariedad de *Salmonella enteritidis*, *S. typhimurium*, *S. gallinarum* y *E. coli*. Los tres productos mostraron capacidad inhibitoria total contra las cepas bacterianas cuando estaban en concentraciones desde 0,5 hasta 4 mg/mL con la única excepción de AES que para una de las cepas de *E. coli* requería una concentración de 8 mg/mL para inhibir completamente. El uso de productos naturales con diferentes composiciones de polifenoles, acidificantes, aceites esenciales y polisacáridos mostraron *in vitro* capacidad antimicrobiana y pueden ser aplicados en granjas de aves para el control de *Salmonella* sp. y *E. coli*.

CEPA BACTERIANA	MIC (MG/ML)		
	AES	Bioquina plus	Bioquina MN
<i>S. enteritidis</i> 285/94	4	4	4
<i>S. enteritidis</i> 86/360	4	4	4
<i>S. typhimurium</i> 10/428	4	4	4
<i>S. typhimurium</i> Q2652	2	1	0,5
<i>S. gallinarum</i> 91/91	4	4	0,5
<i>S. gallinarum</i> 19/436	4	4	0,5
<i>E. coli</i> 16/058T	8	2	1
<i>E. coli</i> 16/058B	2	2	1

Palabras clave: *Salmonella*, *Escherichia coli*, avicultura, polifenoles, acidificantes, aceites esenciales.

EJE

Micología



**Congreso de
Microbiología
Veterinaria**

Aplicación de Calcofluor white y densitometría para el estudio de la pared celular de levaduras biodetoxificantes

ANDREA LORENA CRISTOFOLINI^{1,2}, MARIANA FIORIMANTI^{1,2}, DARÍO ALFONSO¹, ANALÍA FOCESATO^{2,3}, CECILIA INÉS MERKIS¹ Y LILIA RENEE CAVAGLIERI^{2,3}

¹ Área de Microscopía Electrónica, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Cátedra de Micología, Facultad de Ciencias Exactas Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

acristofolini@ayv.unrc.edu.ar

En nuestra zona agrícola-ganadera, la presencia de aflatoxina B₁ en insumos destinados a la nutrición de animales de cría afecta los parámetros productivos, ocasionando cuantiosas pérdidas en la industria regional. Las levaduras constituyen un prometedor modelo biodetoxificante adsorbiendo las micotoxinas. Nuestro grupo ha aislado cepas de *S. cerevisiae* autóctonas del ecosistema animal, las que fueron caracterizadas en su capacidad adsorbente de micotoxinas y en su potencialidad probiótica determinándose que esas propiedades se deben a características de su pared celular, específicamente a la presencia de glucanos. Previamente, hemos puesto a punto la técnica Calcofluor white (CFW) para el estudio de la pared celular de levaduras, resultando ser de bajo costo y específica para la marcación de la porción involucrada en la adsorción. El

objetivo fue evaluar el efecto de las condiciones simuladas del tracto gastrointestinal de un monogástrico, sobre la porción de β -glucanos-quitina en la pared celular de *S. cerevisiae* RC016. Se realizó un ensayo *in vitro* sometiendo la levadura a condiciones simuladas de solución salival, jugo gástrico y fluido intestinal, como control la levadura fue resuspendida en *buffer* fosfato salino. Las levaduras fueron procesadas por la técnica de CFW para determinar la porción correspondiente a β -glucanos-quitina, las imágenes fueron adquiridas en un microscopio epifluorescente y la intensidad de fluorescencia fue determinada mediante un análisis densitométrico con el software Image-Pro Plus 6.0. Se detectaron diferencias significativas en la intensidad de fluorescencia en todos los tratamientos ($p < 0,05$). La cuantificación de los β -glucano-quitina, se incrementó significativamente durante su pasaje por solución salival y en jugo gástrico, disminuyendo en fluido intestinal ($p < 0,05$). Esto coincide con un análisis morfométrico previo, en donde se determinó un aumento significativo del espesor de la pared celular en solución gástrica y un adelgazamiento luego de su pasaje por fluido intestinal; de esta manera, las condiciones del tracto gastrointestinal estarían provocando cambios en la conformación de la red estructural de β -glucano-quitina. Las diferencias encontradas se hallan directamente relacionadas con la capacidad de la cepa para actuar como bioadsorbente de aflatoxina B_1 , ya que en ensayos anteriores presentó el mayor porcentaje de adsorción (95,3 %) a nivel del estómago simulado. De esa manera, las condiciones del tracto gastrointestinal modificarían la estructura y composición de la pared celular, afectando su capacidad de adsorción de aflatoxina B_1 . Estos resultados ratifican la aplicación de *S. cerevisiae* RC016 como un excelente bioadsorbente de aflatoxina B_1 bajo estas condiciones, constituyendo una importante herramienta biotecnológica.

Palabras clave: levaduras, micotoxinas, bioadsorbente.

Uso de los probióticos *Saccharomyces boulardii* RC009 y *Pediococcus pentosaceus* RC007 como alternativas a los antibióticos promotores del crecimiento y su influencia sobre parámetros productivos en cerdos de recría

***ALEJANDRA PAOLA MAGNOLI^{1,2}, *JULIÁN PARADA^{2,3},
VALERIA POLONI^{2,4}, ANALÍA FOCESATO^{2,4}, MARÍA PÍA
MARTINEZ^{2,4}, ALICIA ISABEL CARRANZA³ Y LILIA RENEE
CAVAGLIERI^{2,4}**

¹ Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Departamento de Patología Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

⁴ Departamento de Microbiología e Inmunología, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

amagnoli@ayv.unrc.edu.ar

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto de la aplicación de los probióticos *S. boulardii* y *P. pentosaceus* RC007, en alimentos sin antibióticos promotores del crecimiento (APC) sobre los índices productivos de cerdos en recría (cinco fases de crecimiento). Se utilizaron 1100 animales (Agrocercos PIC) de 21 días de edad, alojados en salas confinadas, caravaneados y separados por similitud de peso,

alimentados *ad libitum*. Se realizaron tres tratamientos (T): T1: Dieta control (DC) con APC; T2: DC sin APC+ *S. boulardii* (1×10^9 UFC/kg de alimento) y T3: DC sin APC+ *P. pentosaceus* (1×10^9 UFC/kg de alimento) aplicados durante la recría (día 21 al día 70 de vida). Se determinó el efecto de las dietas sobre los parámetros productivos ganancia de peso total (GPT-kg), ganancia de peso diaria (GPD-kg) y conversión alimenticia (CA). Los animales que recibieron la levadura presentaron un peso final total (PFT) de 29,40 kg y 29,47 kg. Aquellos animales que recibieron la bacteria presentaron un peso final total (PFT) de 29,45 kg y 31,06 kg; mientras que los animales control presentaron un PFT de 28,93 kg y 28,58 kg para machos y hembras, respectivamente. La GPT mostró la misma tendencia que el PFT ya que los animales tratados con levadura y bacteria tuvieron una GPT 2,61 % y 3,11 % mayor que los animales control, respectivamente. La capacidad de convertir el alimento en carne, reflejada por la CA demostró que los animales que recibieron probióticos presentaron una mejor CA (1,56 para levadura y 1,53 para bacteria) que aquellos que no los recibieron (1,59). Se concluye que *S. boulardii* RC009 y *P. pentosaceus* RC007 son promisorios para ser utilizados como aditivos probióticos en reemplazo de APC en alimentación de cerdos en etapa de recría.

Palabras clave: cerdos, *Saccharomyces boulardii*, *Pediococcus pentosaceus*, antibióticos promotores del crecimiento, ganancia de peso, conversión alimenticia.

* Ambos autores participaron de igual modo en la investigación realizada.

Efecto del probiótico *Saccharomyces boulardii* sobre los parámetros de digestibilidad, bioquímicos y calidad de heces en caninos

ALICIA ANDREA MEDINA¹, CRISTIAN FERNÁNDEZ², MARÍA EUGENIA ORTIZ MARTÍNEZ², MARÍA VALERIA CONIGLIO², VALERIA POLONI^{1,3}, ANALÍA FOCESATO^{1,3}, MARÍA PÍA MARTÍNEZ^{1,3}, ALEJANDRA PAOLA MAGNOLI^{2,3} Y LILIA RENEE CAVAGLIERI^{1,3}

¹ Departamento de Microbiología e Inmunología, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

³ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

amagnoli@ayv.unrc.edu.ar

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el efecto del probiótico *Saccharomyces boulardii* sobre los parámetros de digestibilidad, bioquímicos y calidad de heces en caninos. Se utilizaron cuatro animales ovejero alemán adultos, sanos, vacunados y desparasitados, alojados en caniles individuales. Tratamientos (T): T1: alimento control (C) Premium adulto PB 27 %, 15 % de humedad; T2: C + *S. boulardii* (1 x 10⁹ UFC/kg de alimento). Para cada T se realizó un período de adaptación de 7 días y posteriormente se procedió a la toma de muestras durante 7 días consecutivos (duración total 30 días). Se evaluaron las siguientes variables: a) calidad de las heces: consistencia,

subjetivamente considerando 5 puntos (1-5) pesadas diariamente; b) digestibilidad aparente: se calculó la digestibilidad de la materia seca —dMS— mediante la recolección total de heces, peso del alimento consumido y excretado; c) palatabilidad: sistema de 2 comederos con descansos de 2 días, se observó la preferencia inicial al consumo e individualmente; d) parámetros bioquímicos: análisis sanguíneo de hemograma completo (eritrograma-leucograma) y bioquímica (ALT, AST, FAS y colesterol) en muestras de sangre tomadas al inicio del T1 y al final del T2. Los caninos tuvieron una adecuada adaptación a los diferentes T ofrecidos. No hubo diferencias significativas en la cantidad y consistencia de las deyecciones ($p \leq 0,0001$), el número de deyecciones fue de 2 a 3 por animal por día en ambos T, con una puntuación de 2 a 2,5 (heces sólidas, bien formadas). Los valores de dMS no mostraron diferencias significativas (77-80 %dMS), valores considerados adecuados para este tipo de alimento ($p \leq 0,0001$). Los ensayos de palatabilidad mostraron una tendencia a la elección del alimento con el probiótico. El hemograma no mostró diferencias significativas entre los T ($p \leq 0,0001$), sin embargo la bioquímica sanguínea mostró que la presencia del probiótico redujo significativamente los niveles de colesterol sanguíneo (80-90 mg/dl) ($p \leq 0,0001$). Estos resultados son preliminares, se propone realizar un próximo ensayo con un número mayor de animales por un periodo de tiempo más prolongado, donde se espera una influencia mayor del probiótico sobre los parámetros evaluados. En conclusión: *Saccharomyces boulardii* fue capaz de influir positiva y significativamente sobre los parámetros bioquímicos. Si bien no fue capaz de mejorar los demás parámetros es importante destacar que fue capaz de mantenerlos.

Palabras clave: perros, *Saccharomyces boulardii*, digestibilidad, parámetros bioquímicos, calidad de heces, palatabilidad.

Aislamiento de *Aspergillus fumigatus* y *Aspergillus alabamensis* en pajuelas de semen bovino criopreservado

***MARÍA CELESTE MORAN^{1,2}, *ALEJANDRO NAZARENO ETCHECOPAZ^{3,4}, MARÍA LUJÁN CUESTAS⁴, LARA SABRINA FENATÍ⁴, LAURA BELÉN GARGIULO⁴, GERVASIO PUCA⁴, CLAUDIA INÉS CAGNOLI^{1,5}, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE^{1,5}, JORGE CABODEVILA⁶ Y MARÍA DEL CARMEN CATENA^{1,5}**

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental. (CIVETAN-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Área de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Cátedra de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁴ Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica (IMPaM) (UBA-CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁵ Área de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁶ Departamento de Fisiopatología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

mcmoran@vet.unicen.edu.ar

La Inseminación Artificial (IA) con semen bovino criopreservado está ampliamente instaurada desde hace décadas en los establecimientos lecheros del mundo. La técnica tiene gran impacto en el mejoramiento genético, en los índices de producción y en la

prevención de enfermedades. Para ello, el semen debe ser extraído, procesado y almacenado higiénicamente para que sea de buena calidad. Asimismo, es crucial que se realice la IA en el momento oportuno aplicando la técnica adecuada. Para garantizar la calidad se debe proceder a la evaluación de la calidad espermática y microbiológica ya que el semen puede vehiculizar bacterias, virus y hongos patógenos y oportunistas capaces de sobrevivir a los antibióticos y al proceso de criopreservación. Este último es un aspecto importante si consideramos que durante la IA el semen es depositado en el útero y de esta manera, se evitan los efectos bactericidas de las secreciones vaginales. El objetivo del presente trabajo fue identificar las especies fúngicas aisladas de dos pajuelas provenientes de un reproductor de raza lechera nacional y caracterizar su perfil de susceptibilidad *in vitro* a los antifúngicos triazólicos voriconazol, itraconazol y posaconazol y a la anfotericina B. La identificación macro y microscópica de dichos aislamientos fúngicos permitió identificarlos como *Aspergillus* sección *Fumigati* y *Aspergillus* sección *Terrei*. Mediante la amplificación parcial del gen β -tubulina, seguido de su secuenciación nucleotídica bidireccional y análisis filogenético del mismo, se identificaron los aislamientos obtenidos como *A. fumigatus* sensu stricto y *A. alabamensis*. Las pruebas de susceptibilidad antifúngica por microdilución, realizadas según el método de referencia del EUCAST, demostraron que todos los aislamientos obtenidos eran sensibles a los antifúngicos ensayados, y se observó en *A. alabamensis* un valor elevado de CIM (4 μ g/ml) para anfotericina B. Este es el primer reporte de *A. alabamensis* aislado de pajuela de toro. En el bovino la aspergilosis puede causar abortos esporádicos, siendo *A. fumigatus* y *A. flavus* los agentes etiológicos más frecuentemente recuperados. La identificación en el presente trabajo de estos patógenos fúngicos demuestra la importancia de una correcta evaluación microbiológica

del semen utilizado para IA para garantizar el éxito reproductivo y la seguridad biológica del mismo.

Palabras clave: semen bovino criopreservado, *Aspergillus* spp., susceptibilidad a antifúngicos.

* Igual contribución.

***Monascus argentinensis* aislado de
Scaptotrigona jujuyensis de la provincia
de Jujuy, Argentina inhibe el desarrollo
de *Ascosphaera apis* y *Aspergillus
flavus***

**MARCOS RAÚL TEJERINA^{1,2}, MARÍA JOSÉ CABANA¹,
MARCELO RAFAEL BENÍTEZ AHRENDTS^{1,2} Y MARÍA ISABEL
FONSECA³**

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy (UNJu). San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina

² Instituto de Ecorregiones Andinas (INECOA). San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina

³ Laboratorio de Biotecnología Molecular, Instituto de Biotecnología de Misiones, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNAM). Posadas, Misiones, Argentina

tejerina.marcos@yahoo.com

La actividad meliponícola ha crecido en diferentes partes de Argentina, en la provincia de Jujuy se encuentra en una etapa inicial. Las especies principalmente criadas son *S. jujuyensis*, *T. fiebrigi*, y *Plebeia* spp. entre otras. Las interacciones benéficas asociada con hongos son importantes para enfrentar diferentes patógenos en abejas nativas sin aguijón (ANSA), que son transmitidos indirectamente por otras especies a través de recursos florales que visitan en la polinización como lo son *A. apis* y *A. flavus* que, si bien no se han informado que afecten a las ANSA, su conocimiento es importante para dilucidar los mecanismos de protección del huésped. Este trabajo informa un primer registro del hongo *M. argentinensis*

aislado de *S. jujuyensis* donde se evaluó el efecto *in vitro* de los entomopatógenos que afectan larvas de abejas de *Apis mellifera*. El hongo fue aislado de cabezas de *S. jujuyensis* en medio MEA; para obtener metabolitos se sembró un explante del hongo en 10 ml de medio líquido extracto de malta, durante 7 días en condiciones aerobias con agitación. Transcurrido este periodo fue centrifugado a 3500 rpm durante 5 min y 100 µl del sobrenadante fue inoculado en Erlenmeyer conteniendo 25 mL con medio líquido MY20, a los que se inoculó una suspensión de 5×10^6 ascosporas/ml de *A. apis* P4 (KX622166) todos los ensayos fueron incubados durante 10 días a 30 °C. Por otro lado en 25 mL de medio líquido de extracto de malta se inocularon 105 conidios/ml de *A. flavus* e incubado a 25 °C durante 5 días en agitación. Transcurrido este periodo se pesaron los micelios crecidos y se determinó la biomasa. Se realizó un control para cada ensayo sin la suspensión de *M. argentinensis*. Todos los ensayos fueron realizados por triplicado. Los micelios control tenían un peso seco medio de $4,3 \pm 0,28$ g para *A. apis* y de $11,7 \pm 0,96$ g para *A. flavus*, mientras que los ensayos con tratamiento tenían un peso medio de $2,2 \pm 0,1$ g para *A. apis* y de $5,5 \pm 1,2$ g para *A. flavus*, con diferencias significativas de $p=0,001$ y $p=0,005$, respectivamente. Se concluyó que *M. argentinensis* inhibe entomopatógenos de *A. mellifera*, protegiendo a las ANSA de la infección.

Palabras clave: abejas nativas sin aguijón, hongos benéficos, entomopatógenos, interacción.

Primer reporte de feohifomicosis producida por *Phialophora americana* en un gato doméstico

**PABLO JESÚS BORRÁS¹, FERNANDO ANTONIO MESSINA²,
RUBÉN ANTONIO ABRANTES³, RICARDO IACHINI⁴,
LEONARDO MINATEL⁵ Y GABRIELA SANTISO²**

¹ Servicio de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Veterinaria Panda. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Unidad de Micología, Hospital «Francisco J. Muñiz». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Servicio de Micosis Superficiales y Hongos Miceliales, Micología, INEI-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁴ Ex Jefe del Laboratorio Análisis Clínicos y Microbiológicos, Instituto de Zoonosis «Luis Pasteur». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁵ Cátedra de Patología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

pablojesusborras@gmail.com

Las feohifomicosis comprenden un grupo heterogéneo de micosis que pueden afectar a seres humanos, plantas y animales. Dentro de los géneros involucrados con mayor frecuencia en felinos se encuentra *Phialophora*, generalmente asociado a algún tipo de inmunocompromiso. El objetivo de este trabajo es presentar el primer reporte de feohifomicosis en un gato doméstico de Argentina. Se presentó a la consulta un felino, macho castrado, raza común europea, de 10 años, oriundo de Quilmes, Argentina, con una tumoración de 5 cm de diámetro en plano nasal, ligeramente pigmentada y con una pequeña ulceración de más de un año de evolución. En el borde inferior de la cola se constató una lesión alopécica, de 3cm de

diámetro, escamosa e hiperpigmentada. El paciente se encontraba bajo tratamiento inmunosupresor con corticoides por una duodenitis linfoplasmocitaria. Se descartaron enfermedades retrovirales felinas. Se tomaron muestras de la lesión presente en plano nasal, bajo procedimiento quirúrgico. En el examen en fresco se observaron hifas pigmentadas de morfología irregular. En el cultivo en medio de Sabouraud desarrollaron colonias oscuras. En la micromorfología se observaron hifas pigmentadas y fiálides con collaretes, lo que nos permitió identificar el hongo en forma preliminar como *Phialophora* sp. Se extrajo el ADN para secuenciación de la porción parcial del gen ITS (ITS1-5.8S-ITS2) del ADNr. Se buscó la similitud de la secuencia obtenida, en la base de datos NCBI GenBank usando el algoritmo BLAST. Nuestra secuencia se alineó con *Phialophora americana* strain CDC-5 mostrando una similitud de 99,36 %. Hasta la fecha este es el primer reporte de feohifomicosis producida por *Phialophora americana* en un felino inmunocomprometido en Argentina. Aunque existen reportes de *P. americana* como agente causal de este cuadro en humanos, no hay registro en animales domésticos. La feohifomicosis es una enfermedad micótica que debe ser incluida dentro de los diagnósticos diferenciales de lesiones cutáneas hiperpigmentadas en felinos con compromiso inmunológico.

Palabras clave: feohifomicosis, felinos, *Phialophora*.

Detección del antígeno de galactomanano de *Aspergillus* como método de seguimiento terapéutico en la aspergilosis nasal canina: a propósito de un caso

PABLO JESÚS BORRÁS^{1,2}, MARTA ZUBALDÍA², SERGIO FERRARIS², RICARDO IACHINI³ E IVANA MALDONADO⁴

¹ Servicio de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Clínica Veterinaria Panda. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Centro de Ciencias Veterinarias (CCV), Universidad Maimónides (UMAI). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Ex Jefe del Servicio de Diagnóstico, Instituto Pasteur. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

⁴ Microbiología, Laboratorio Central, Hospital Alemán. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

pablojesusborras@gmail.com

La aspergilosis nasal canina es producida principalmente por la especie *Aspergillus fumigatus sensu lato* correspondiente a la sección *Fumigati*. En medicina, la detección del antígeno de galactomanano de *Aspergillus* (GM) es una técnica de amplia utilización en aspergilosis invasora humana. También ha sido aplicada en caninos con aspergilosis nasal y la bibliografía refiere como índice de corte de 0.5, indicando ausencia o presencia de GM en suero. El objetivo de este trabajo fue reportar un caso de aspergilosis nasal canina producida por *A. fumigatus* s.l. y el uso del dosaje de GM como indicador de respuesta al tratamiento con itraconazol. Se presentó al servicio de infectología una hembra canina castrada, raza greyhound,

de 6 años, rescatada, que actualmente vive en CABA. Presentaba una rinitis crónica, con secreción mucopurulenta intermitente. La paciente tenía un diagnóstico previo de aspergilosis por histopatología. En ese momento se tomó la primera muestra de suero para detección de GM por enzimoimmunoensayo (Platelia™ *Aspergillus* EIA). Se reformuló el tratamiento con itraconazol (10mg/kg/24h). Al mes de la consulta, se realizó otra rinoscopía, con toma de muestras para cultivo micológico para identificar al agente etiológico; se realizó nuevamente dosaje de GM en suero aproximadamente cada 45 días hasta alcanzar un índice por debajo de 0,5 (ausencia de GM). En la muestra tomada en la rinoscopía, se observaron hongos en el examen directo y desarrollo de una colonia que se identificó por macro y micromorfología, más espectrometría de masas MALDI-TOF MS como *A. fumigatus* s.l. Los dosajes de GM se realizaron en tres determinaciones: índices 6.5 (06-11-2020), 0.8 (21-12-2021) y 0.4 (23-02-2021). Este constituye el primer reporte en Argentina del detección de GM de *Aspergillus* en perros con aspergilosis nasal. Aunque el *kit* no indica su uso en veterinaria se halló correlación entre los valores obtenidos y la evolución clínica. En caninos se encuentra descrito que esta metodología presenta una sensibilidad del 100 %, aunque puede variar según el antígeno utilizado. Aunque es fundamental el aislamiento del agente, la detección de GM es una herramienta para determinar la respuesta al tratamiento junto a la evolución clínica y a la rinoscopía control.

Palabras clave: galactomanano, aspergilosis, caninos, MALDI-TOF.

Efecto de *Saccharomyces boulardii* usado en reemplazo de antibióticos promotores del crecimiento sobre la calidad de carne, parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos

**ALEJANDRA PAOLA MAGNOLI^{1,2}, JULIÁN PARADA^{1,3},
FÁTIMA CANDELARIA DE LA TORRE¹, VALERIA POLONI^{2,4},
ANALÍA FOCHESATO^{2,4}, MARÍA PÍA MARTINEZ^{2,4}, MARÍA
VALERIA CONIGLIO¹, MARÍA EUGENIA ORTIZ MARTÍNEZ¹,
SAMIR WATSON¹ Y LILIA RENEE CAVAGLIERI^{2,4}**

¹ Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Argentina

³ Departamento de Patología Animal, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

⁴ Departamento de Microbiología e Inmunología, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

amagnoli@ayv.unrc.edu.ar

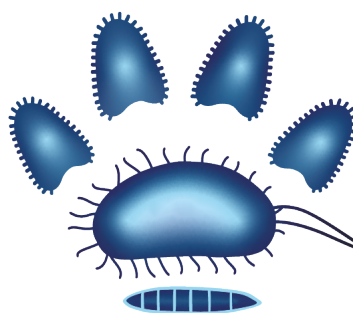
En este trabajo se evaluó el efecto de *S. boulardii* usado en reemplazo de antibióticos promotores de crecimiento (APC) sobre la calidad de la carne, parámetros bioquímicos y de sanidad en cerdos. Se utilizaron 550 animales (Agrocercos PIC) de 21 días de edad, alojados en salas confinadas, caravaneados y separados por similitud de peso, alimentados *ad libitum*. Tratamientos (T): T1: Dieta control (DC) con APC; T2: DC sin APC+ *S. boulardii* (1×10^9 UFC/ kg de alimento) aplicados durante la recría (día 21 al día 70 de vida). Finalizada la etapa

de engorde fueron llevados a frigorífico donde se tomaron muestras de sangre para evaluar los niveles de colesterol, se pesaron las canales, se calcularon los porcentajes de magro, se determinó el espesor del músculo *longissimus*. Además y debido a la alta incidencia de enfermedades respiratorias presentes en el criadero, se inspeccionaron lesiones en el tracto respiratorio superior por rinitis atrófica e índice de neumonía en el tracto respiratorio inferior. En el músculo se evaluó la capacidad de retención de agua. Los resultados obtenidos demostraron una tendencia a aumentar el % magro (56,21) y % del espesor del músculo (86,3) en los animales tratados con el probiótico. El análisis bioquímico de colesterol mostró una reducción altamente significativa ($p \leq 0.0001$) de sus niveles en sangre con la aplicación del probiótico (70,5 mg/dl). Los estudios de tracto respiratorio superior e inferior no mostraron diferencias entre los tratamientos. En este estudio la presencia del probiótico mejoró la capacidad de retención de agua de la carne de cerdo. En conclusión, *S. boulardii* influyó positiva y significativamente sobre los parámetros de calidad de carne como % de magro, peso de la canal y capacidad de retención de agua, además de reducir los niveles de colesterol en sangre. La tendencia positiva lograda en el porcentaje de magro por el probiótico en 49 días de tratamiento en recría, propone la realización de un ensayo donde los animales reciban durante todas sus etapas de crecimiento el probiótico, en el que se espera una influencia mayor sobre todos los parámetros sanitarios, bioquímicos y de calidad de carne estudiados.

Palabras clave: cerdos, *Saccharomyces boulardii*, antibióticos promotores del crecimiento, calidad de carne, sanidad.

EJE

Virología



**Congreso de
Microbiología
Veterinaria**

Relevamiento de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en muestras de leche de tanque provenientes de la provincia de Santa Fe

PAULA FAVARO¹, ANA INÉS MOLINER², HUMBERTO LUIS JOSÉ OCCHI¹, MARÍA JOSÉ DUS SANTOS³, LUIS FERNANDO CALVINHO² Y ANDREA PECORA³

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

² Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICaL) (INTA-CONICET). Rafaela, Santa Fe, Argentina

³ Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT) (CICVyA-INTA). Castelar, Buenos Aires, Argentina

paulafavaro10@gmail.com

La detección de anticuerpos en muestras de leche de tanque (BTM por sus siglas en inglés: *bulk tank milk*) se utiliza como un método de *screening* en programas de control y erradicación de la diarrea viral bovina (DVB). Constituye un método económico y conveniente que permite obtener información de un importante número de animales (vacas en ordeño) con solo una muestra. Existen kits comerciales de ELISA basados en la proteína NS3 (no estructural) del virus de la DVB (BVDV), capaces de diferenciar anticuerpos producidos por infección natural de los vacunales. Existe escasa información sobre la circulación del BVDV en la provincia de Santa Fe, por tanto, el objetivo de este trabajo fue generar datos de prevalencia de rodeos lecheros con

infección natural por este virus mediante el testeo de muestras BTM con un test de ELISA comercial. En un muestreo de conveniencia, se obtuvieron muestras BTM de 262 establecimientos ubicados en la provincia de Santa Fe (departamentos Belgrano, Castellanos, La Capital, Las Colonias, San Cristóbal, San Jerónimo y San Martín) remitentes a una industria láctea. Las muestras se centrifugaron 15 minutos a 2000 rpm, tomándose una alícuota de la fase de suero de leche para realizar la prueba. Si bien no se conoce el historial de vacunación de los rodeos, se utilizó un kit comercial de ELISA que identifica anticuerpos producidos por infección natural (INgezim PESTIVIRUS Compac), según protocolo del fabricante. Sobre el total de muestras BTM analizadas, solo dos tambos resultaron negativos (0,76 %): uno de la localidad de Las Rosas y otro de San Jorge. El presente estudio es una aproximación a la realidad de la DVB en la provincia de Santa Fe y denota la amplia difusión del virus en los rodeos lecheros, ya que en casi todos existe circulación viral. Si bien debe ponerse en perspectiva que debido a las restricciones en la disponibilidad de medios para realizar un muestreo al azar se utilizó un muestreo de conveniencia, los resultados sugieren la importancia de planificar e implementar más estudios epidemiológicos y planes de control de la enfermedad para disminuir las pérdidas causadas por el virus.

Palabras clave: ELISA, BTM, leche, BVDV.

Comparison of proviral load levels and mRNA expression of cytokines in peripheral blood mononuclear cells and milk somatic cells from BLV-infected cattle

GUILLERMINA LAURA DOLCINI¹, MARLA ELIANA LADERA GÓMEZ¹, MARÍA VICTORIA NIETO FARIAS¹, ADRIÁN ALEJANDRO VÁTER² Y MARÍA CAROLINA CERIANI¹

¹ Laboratorio de Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Escuela de Educación Secundaria Agraria N° 1 «Dr. Ramón Santamarina». Tandil, Buenos Aires, Argentina

gdolcini@vet.unicen.edu.ar

The bovine leukemia virus (BLV) is an exogenous retrovirus belonging to the *Deltaretrovirus* genus. This enveloped virus naturally infects B-lymphocytes causing enzootic bovine leukemia (EBL), which is spread worldwide, mainly in dairy cattle. The virus might produce cell-mediated immunity disorders, which may lead to opportunistic infections in BLV-infected cattle. Thus, the performance of dairy cattle is impaired, leading to large economic losses in the dairy industry. A study was carried out to investigate the levels of proviral load as well as mRNA expression of cytokines in peripheral blood mononuclear cells (PBMC) and milk somatic cells (SC) of low proviral load (LPL), high proviral load (HPL) and uninfected cattle (controls). A total of 51 BLV-infected cows and 16 controls were included. The levels of proviral load

in PBMC and SC as well as the expression levels of cytokine mRNA between LPL and HPL cattle were measured by real-time PCR (qPCR). LPL was detected in milk SC from BLV-infected animals. Three cytokines, IFN- γ , IL-12 and IL-6, were found to be up-regulated in the LPL group, and one cytokine, IL-10, was found to be down-regulated in PBMC. The expression levels of IL-12 mRNA in SC from LPL animals were higher than in the HPL group, while IFN- γ , IL-10 and IL-6 mRNA expression levels were significantly down-regulated. The results showed differences in cytokine expression in both PBMC and SC between LPL and HPL cattle. This is the first study to provide a functional phenotype of immune status by establishing a cytokine profile in milk SC from LPL, HPL, and BLV-negative cattle.

Keywords: BLV, bovine cytokines, PBMC, somatic cells, milk.

Detección del virus de la necrosis renal y del bazo (ISKNV) del pez cebra en colonias de experimentación de Argentina

**JUAN MARTÍN LABORDE, MARTÍN CARRIQUIRIBORDE,
MARÍA DEL PILAR LILIA CAGLIADA, JOHANA PAMELA
ALMIRÓN, FABRICIO ALEJANDRO MASCHI Y MIGUEL
ÁNGEL AYALA**

Laboratorio de Animales de Experimentación (LAE), Facultad de Ciencias Veterinarias,
Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

juanmartinlaborde@gmail.com

El pez cebra (*Danio rerio*) actualmente es considerado como modelo animal en ensayos de desarrollo embrionario, análisis de la función genética y mutagénesis. Sus características fisiológicas, tales como la alta fecundidad, fertilización externa y mecanismos moleculares del desarrollo del embrión similares a todos los vertebrados, permitieron que el pez cebra se haya convertido gradualmente en el modelo vertebrado inferior más utilizado luego del ratón. El virus de la necrosis renal y del bazo en el pez cebra (ISKNV) pertenece a la familia *Iridoviridae*. Este virus tiene un rango de hospedadores extremadamente amplio y causa infecciones naturales en el pez cebra produciendo enfermedad clínica, aunque se desconoce la mortalidad. Los signos clínicos se caracterizan por letargo, pérdida de apetito, natación anormal, distensión de la cavidad celómica y, en los casos más graves, dificultad respiratoria, branquias pálidas y hemorragias petequiales en la base de las aletas. El objetivo

de este estudio fue determinar la presencia de ISKNV en bioterios de peces cebras de nuestro país. Se analizaron 50 peces cebras adultos (1 año de edad) provenientes de 5 bioterios (10 peces de cada uno). Se tomaron muestras de tejido visceral de cada animal que fueron procesadas con un equipo comercial para extracción de ADN. Para la detección viral se utilizó una técnica de PCR directa utilizando cebadores específicos que amplifican un fragmento de 562 pb basado en la secuencia del gen principal de la proteína de la cápside (MCP). Resultaron positivas las muestras de 7 animales de uno de los bioterios estudiados. Se concluyó que la investigación por PCR resultó útil para detectar por primera vez en Argentina el ISKNV. Estos resultados indican que, debido al riesgo de infección de colonias de peces cebras, es necesario implementar técnicas sensibles, como la PCR descrita, e implementar estrictas prácticas de bioseguridad, ya que estas infecciones pueden tener un gran impacto en los peces de laboratorio e invalidar los datos experimentales en este modelo animal.

Palabras clave: iridovirus; pez cebra; PCR.

Diagnóstico clínico, molecular y serológico del virus de la leucemia en ratas Wistar

**MARÍA FLORENCIA FONTES GARRÉ, SERGIO ROCHA,
MARIELA SANTOS Y MARTÍN BREIJO**

Unidad de Reactivos y Biomodelos de Experimentación, Facultad de Medicina,
Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

f.fontesgarre@gmail.com

El virus de la leucemia de ratas (RaLV) es un retrovirus endógeno de tipo C, subfamilia *Oncovirinae*. Fue aislado inicialmente de células de embriones de ratas Sprague-Dawley cultivadas *in vitro*. Si bien no se han reportado enfermedades clínicas en ratas, se ha descrito que RaLV puede recombinarse con otros virus y generar tumores. En el área libre de patógenos del bioterio, se observaron ratas Wistar jóvenes con cuadros neurológicos (ataxia, convulsiones), infertilidad, acompañados posteriormente de linfomas y leucemias. Las ratas con síntomas neurológicos e infertilidad cursaron con una leucopenia marcada, mientras que las ratas con linfomas presentaron leucocitosis. A partir del descarte de otros agentes causales y basados en similitud epidemiológica y clínica con la leucemia bovina y felina, orientamos nuestro diagnóstico hacia una etiología retroviral. Se diseñaron *primers* a partir de la secuencia de cDNA del RaLV (Genbank:M77194.1), abarcando regiones de los tres genes presentes en el virus. Se tomaron muestras de timo y útero de los individuos afectados (protocolo 070153-000881-20) se realizó la extracción de ARN con TRIzol y se sintetizó cDNA con SuperScriptII. Las condiciones

de PCR y ciclado fueron ajustadas según enzima y *primers* utilizados. Los fragmentos amplificados se visualizaron en un gel de agarosa 2 % mostrando bandas de 253 pb y 73 pb para las diferentes regiones del gen *gag*, 204 pb para gen *pol* y 169 pb para gen *env*. Se secuenciaron los fragmentos y confirmamos la compatibilidad entre las secuencias obtenidas y RaLV. Por otra parte, se diseñó un ELISA a partir de la síntesis de la proteína de envoltura del virus y se determinó la presencia de anticuerpos anti RaLV. Los animales con sintomatología clínica desarrollaron anticuerpos específicos contra el virus, no detectándose en animales sanos. Los resultados sugieren por primera vez una relación entre la epidemiología, los signos clínicos y el diagnóstico de RALV.

Palabras clave: ratas, RaLV, retrovirus, genes, PCR, ELISA.

Determinación de la respuesta inmune humoral a campo frente a la vacunación contra rinotraqueítis infecciosa bovina en vaquillonas infectadas con el virus de la leucosis bovina

FLORENCIA STEFFANÍA RUPPEL FUNES, MARÍA LAUREANA DE BRUN MÉNDEZ Y RODRIGO PUENTES

Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

florenciaruppel17@gmail.com

El virus de la leucosis bovina (VLB) es un retrovirus reconocido como el principal patógeno viral que afecta a los rodeos lecheros mundialmente. El 90 % de los animales infectados son asintomáticos y la infección subclínica produce trastornos importantes en el sistema inmune humoral y celular, lo cual puede alterar el desarrollo de inmunidad post-vacunación. La rinotraqueítis infecciosa bovina causada por el herpesvirus bovino tipo 1 (BoHV-1) es una de las principales virosis que inciden en la reproducción, y en la práctica veterinaria no se tiene en cuenta el efecto inmunosupresor del VLB, que puede disminuir la eficacia de la vacunación. El objetivo de este estudio fue evaluar la respuesta inmune humoral frente a la vacunación contra BoHV-1 en animales infectados con VLB. Se inmunizaron 276 vaquillonas en un establecimiento de cría en Florida, Uruguay, con doble dosis pre-servicio de una vacuna reproductiva comercial polivalente. Posteriormente se conformaron dos grupos VLB+ (n=113) y VLB- (n=104), diagnosticados mediante

ELISA. Tras la realización de hemogramas, aquellos animales VLB+ se clasificaron como VLB+ aleucémicos y VLB+ con linfocitosis persistente. Se recolectaron muestras de suero 0, 30, 60 y 160 días post-vacunación, determinándose anticuerpos totales, IgG1, IgG2 y anticuerpos neutralizantes contra BoHV-1. No se obtuvieron diferencias significativas ($p>0,05$) para anticuerpos neutralizantes y anticuerpos totales contra BoHV-1 entre los grupos VLB+ y VLB-. A pesar de haberse generado una estimulación del sistema inmunológico, con títulos de anticuerpos totales aceptables, la respuesta de anticuerpos neutralizantes fue pobre, con menos del 50 % de los animales presentando títulos iguales o superiores a 1/16. Los títulos de isotipos IgG1 e IgG2 aumentaron tanto en VLB+ como VLB-, evidenciándose diferencias significativas ($p=0,04$) en el título de IgG1 entre animales VLB- y VLB+ aleucémicos. Teniendo en cuenta la alta prevalencia del VLB en Uruguay y en aquellos países donde la producción lechera es importante, es necesario continuar investigando el impacto silencioso de este retrovirus en el desarrollo de inmunidad de animales infectados. Del mismo modo, es conveniente realizar más ensayos para evaluar la eficacia de las vacunas contra el BoHV-1, conociendo la relevancia de esta práctica en la prevención de la enfermedad.

Palabras clave: VLB, IBR, vacunación, Inmunidad humoral.

Analysis of apoptosis induced by bovine gammaherpesvirus 4 in primary culture of bovine endometrial cells

FLORENCIA ROMEO¹, ENRIQUE LEOPOLDO LOUGE URIARTE², SANTIAGO GERMÁN DELGADO³, SUSANA BEATRIZ PEREYRA², SANDRA ELIZABETH PÉREZ^{1,4} Y ANDREA VERNA^{1,2}

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Virología Veterinaria, Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS) (INTA-CONICET). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

³ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina

⁴ Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN) (CONICET-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina.

verna.andrea@inta.gob.ar

BoHV-4 is tropic for bovine endometrium being increasingly considered as responsible for reproductive tract problems during postpartum period in concomitance with gramnegative bacteria. Some gammaherpesviruses, including BoHV-4, carry genes that can inhibit or induce apoptosis. BoHV-4 has two genes that encode proteins (v-Bcl2 and v-Flip) with anti-apoptotic functions. However it was shown that, the induction of apoptosis *in vitro* by BoHV-4 depends not only on the dose of the viral inoculum and the time of infection, but also on the nature of the infected cells. The objective of this work was to study apoptosis induced by BoHV4 and lipopolysaccharide (LPS) in primary culture of bovine endometrial

cells. Apoptosis was evaluated in two stages: a) early stage (reversible moment), by staining with rhodamine and propidium iodide at 6, 12 and 24 h post infection (pi), in which mitochondrial permeability was studied, expressed in % of positive rhodamine cells (Rod+cells); b) late stage (irreversible moment), using TUNEL and DAPI after 12, 24 and 48 h pi, which the condensed chromatin was evaluated, expressing the results in relative apoptosis index (RAI). It was shown that in the early stage, the permeability of the mitochondrial membrane decreases after 12 h pi in cells infected with BoHV-4 (49 % Rod+cells) and BoHV-4 +LPS (45 % Rod+cells) compared to the control (90 % Rod+cells). While in the late stage a progressive increase in RAI is found in cells treated with BoHV-4 and/or LPS, being remarkable at 48 h pi both in TUNEL (control = 1.00; LPS = 0.76; BoHV-4 = 29.50; BoHV-4 + LPS = 38.40) and DAPI (control = 1.00; LPS = 1.34; BoHV-4 = 13.90; BoHV-4 + LPS = 16.91). Apoptosis increased in both stages due to the interaction of BoHV-4+LPS. Likewise, the induction of apoptosis in bovine endometrial cells infected with BoHV-4 was shown to be time dependent, being further increased in the presence of bacterial LPS. This finding reaffirms the synergy effect of BoHV-4 and gramnegative bacteria in bovine uterine pathologies, since a chronic inflammatory environment is generated accompanied by endometrial tissue damage.

Keywords: BoHV-4, LPS, apoptosis, primary culture, bovine endometrium.

Cultivos celulares primarios de células de pejerrey (*Odontesthes bonariensis*) para su uso como sustratos en el estudio de virus de interés ictícola

**JUAN PABLO NOGUEIRAS¹, SANTIAGO EMANUEL COLINA²,
NICOLÁS NAHUEL CASTRO¹, VIVIAN YOROJO MORENO³,
MARÍA SOLEDAD SERENA², MARÍA GABRIELA
ECHEVERRÍA² Y GERMÁN ERNESTO METZ²**

¹ Pasantes de Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP); Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Instituto de Limnología «Dr. Raúl A. Ringuelet» (ILPLA) (CONICET-UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

germanmetz@fcv.unlp.edu.ar

El pejerrey (*Odontesthes bonariensis*) es un pez de importancia económica y ecológica de la región pampeana. Se describen numerosos tipos de microorganismos que lo afectan, sin haberse documentado aun los virus. El aislamiento viral en células susceptibles es la técnica de referencia recomendada para el estudio de virus, por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue obtener, cultivar y mantener *in vitro* células de *O. bonariensis* para utilizarlas como sustrato. Se recolectaron dos ejemplares de *O. bonariensis* en la laguna San Lorenzo (provincia de Buenos Aires) y se mantuvieron vivos en bolsas de plástico con agua de origen y oxígeno. En el laboratorio, los peces se sacrificaron por tracción medular de acuerdo con los estándares de

bienestar animal (Guía Eutanasia AVMA, 2020) y en esterilidad se procedió a la recuperación de diferentes órganos para realizar las técnicas de explanto y cultivo primario. Se tomaron muestras de piel, aleta caudal, gónada, riñón, hígado, páncreas y cerebro. Para realizar los explantos se siguieron los procedimientos estándar. Luego, la mayor fracción posible del órgano de interés se disgregó primero mecánicamente en mortero, para luego proceder a la disgregación enzimática con tripsina. Se separaron por filtración las fracciones de órganos que no se hubieran disgregado de manera completa, se inactivó la tripsina con suero fetal bovino, y diferentes alícuotas de las células disgregadas se sembraron en placas de 24 pocillos y frascos T25. Se testearon diferentes medios de cultivo: MEM, MEM con HEPES, RPMI y Dulbecco, todos suplementados con 20 % de suero fetal bovino e incubando en estufa a 23 °C. Con la técnica de explantos se obtuvieron células de piel, aleta caudal, hígado y cerebro, mientras que, por disgregación enzimática, células de gónada y riñón, todos los cultivos con medio MEM. Hasta el momento, se realizan pasajes con diluciones de 1/2 o 1/3 al llegar las células a confluencia y se continúa trabajando en la caracterización celular y en la cinética de crecimiento de cada uno de los cultivos obtenidos. En este trabajo se logró recuperar, desarrollar y mantener *in vitro* células de pejerrey para ser utilizadas en futuros trabajos en virología.

Palabras claves: *Odontesthes bonariensis*, pejerrey, cultivos primarios, células, aislamiento viral.

Mucosal disease outbreak and possible sources of bovine viral diarrhea virus in herds from a beef farm of Buenos Aires province

ENRIQUE LEOPOLDO LOUGE URIARTE¹, MAXIMILIANO JOAQUÍN SPETTER LUCAS², SUSANA BEATRIZ PEREYRA¹, MARÍA ROSA LEUNDA¹, GUSTAVO MARIO COMBESSIES³, IGNACIO MARIANO LLADA⁵, ERNESTO RAÚL ODRIOZOLA⁵, ANDREA VERNA^{1,2}, ANSELMO CARLOS ODEÓN⁴ Y ERIKA ANALÍA GONZÁLEZ ALTAMIRANDA^{1,2}

¹ Laboratorio de Virología Veterinaria, Instituto de Innovación para la Producción Agropecuaria y el Desarrollo Sostenible (IPADS) (INTA-CONICET). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio Azul Diagnóstico SA. Azul, Buenos Aires, Argentina

⁴ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

⁵ Actividad privada. Balcarce, Buenos Aires, Argentina

lougeuriarte.enrique@inta.gob.ar

galtamiranda.erika@inta.gob.ar

Cattle persistently infected (PI) with non-cytopathic (ncp) strains of bovine viral diarrhea virus (BVDV) are immunotolerant and have a major role in virus transmission. Also, they are highly prone to develop mucosal disease (MD) after an overwhelming infection with the mutant cytopathic (cp) strain. In August 2018, an outbreak investigation was conducted in a beef farm. Yearling steers and heifers

died in a time-spanned fashion (30/205; mortality, 14.6 %). At necropsy two steers showed erosions and ulcers in the digestive organs and atrophy and necrosis of Peyer's patches. BVDV antigen was detected in ear notch samples by immunochromatography, whereas the NS5B gene of BVDV-1 was detected in spleen samples by nested multiplex RT-PCR (RT-mPCR). Cytopathic effect of BVDV was confirmed by virus isolation and direct immunofluorescence (VI+DIF) in samples from brain, spleen, and lung. Because of this findings, BVDV infections were evaluated in herd 1 (147 suckling calves; 154 cows), herd 2 (61 suckling calves; 70 cows, 22 purchased while pregnant in 2018), herd 3 (13 cows not calved), and herd 4 (11 bulls); herd 2 was handled separately. Peripheral leucocytes (PBL) (393) and sera (63) were analyzed by RT-mPCR. Thirteen samples (2.8 %) of PBL from suckling calves of herd 2 were positive for BVDV-1. Sera of these calves were analyzed by antigen (Ag)-ELISA (13), VI+DIF (2), and RT-mPCR (13), whereas PBL were also analyzed by VI+DIF (11). All sera resulted negative for Ag-ELISA and VI+DIF, but most of them (11/13) were positive for RT-mPCR. Additionally, most PBL (8/11) resulted positive for VI+DIF. Sequence analysis of the 5'UTR showed 100 % identity between the RT-PCR products (288 pb) of PBL from one suckling calf and the brain from one yearling steer suffering MD. Although the PI status was not confirmed, suckling calves are important in BVDV transmission because they serve as unnoticed sources. In Argentina, control programs in beef farms should evaluate these animals when testing for PI cattle. RT-PCR methods and suitable samples are highly encouraged to avoid false negative results in suckling calves, mainly when results of certain techniques (Ag-ELISA and VI+DIF) can be influenced by passively acquired maternal antibodies.

Keywords: bovine viral diarrhea virus, mucosal disease, persistently infected cattle, suckling calves, peripheral leucocytes, RT-PCR.

Producción de antígenos recombinantes a partir de proteínas inmunogénicas de Alfaherpesvirus felino 1 para el desarrollo de un test de diagnóstico

DAIANA STEPHANIE BIANCHI¹, SANTIAGO EMANUEL COLINA^{1,2}, CARLOS JAVIER PANEI^{1,2} Y NADIA ANALÍA FUENTEALBA^{1,2}

¹ Laboratorio de Virología (LAVIR), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

² CONICET-CCT La Plata. La Plata, Buenos Aires, Argentina

bianchids@hotmail.com

La infección por Alfaherpesvirus felino 1 (FHV-1) representa aproximadamente la mitad de las infecciones virales felinas de las vías respiratorias superiores diagnosticadas, además es el causante de las lesiones oculares más frecuentes en gatos. Esta virosis es de importancia clínica en todo el mundo, ya que afecta al 95 % de la población felina y, de este porcentaje, el 80 % de los gatos permanece infectado de forma latente. El FHV-1 posee una única molécula de ADN de doble cadena, rodeado por una cápside de simetría icosaédrica. La envoltura viral que rodea la cápside, constituye la capa más externa donde se encuentran localizadas diferentes tipos de glicoproteínas. La glicoproteína D (gD) es una de ellas y es esencial para la replicación viral. Mediante un ensayo de inmunoabsorción ligado a enzima (ELISA) de competencia se detectan en la gD al menos 4 epítopes diferentes. El objetivo de este trabajo fue expresar la

gD de FHV-1 utilizando la levadura metilotrófica *Pichia pastoris* como sistema de expresión. A partir de la secuencia genómica de FHV-1 disponible en GenBank se diseñaron oligonucleótidos específicos para amplificar el gen que codifica la gD, sin el extremo C-terminal con la secuencia de anclaje a membrana. Una vez amplificado se clonó en el vector pPIC9, que luego se utilizó para transformar por electroporación la cepa GS115 de *P. pastoris*. Las levaduras recombinantes obtenidas se cultivaron en medio BMGY a 30 °C con agitación de 90 rpm, se centrifugaron a 3000xg durante 5 minutos, y se resuspendió el *pellet* obtenido en medio BMMY. Se logró llevar a cabo la expresión de la gD fusionada al factor de secreción α de *S. cerevisiae*. La expresión de la gD fue puesta en evidencia mediante SDS-PAGE en una muestra de *pellet* celular a las 48 h de inducción, obteniéndose una banda de aproximadamente 53kDa, que era aproximadamente el tamaño esperado. Posteriormente, se realizó un *immunoblot* en el que la proteína recombinante obtenida fue reconocida por los anticuerpos presentes en el suero policlonal anti-herpesvirus felino utilizado. De esta manera se dispone de una proteína recombinante antigénica para ser utilizada en pruebas diagnósticas

Palabras clave: *Pichia pastoris*, herpesvirus felino, gD.

***Scapteromys aquaticus*: nueva especie de roedor hospedadora de *Orthohantavirus* en la región central de Argentina**

TAMARA RICARDO^{1,2}, CARLA MARÍA BELLOMO³, VALERIA P. MARTÍNEZ³, ROCÍO M. COELHO³, LAURA C. BERGERO¹ Y MARÍA ANDREA PREVITALI^{1,2}

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Santa Fe, Argentina

² Departamento de Ciencias Naturales, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Santa Fe, Argentina

³ Departamento de Virología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos E. Malbrán». Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

tamararicardo83@gmail.com

Los roedores silvestres son reservorios de *Orthohantavirus*, el agente etiológico del síndrome pulmonar por hantavirus (SPH). La región central de Argentina es endémica para SPH, con tasas de mortalidad de entre 24 y 31 %. En dicha región se han identificado tres *Orthohantavirus* patógenos para los humanos, aunque su asociación con especies de roedores hospedadores no es del todo clara. En los últimos años, además, se han incrementado los casos de SPH en el centro y norte de la provincia de Santa Fe. El objetivo de este trabajo fue determinar infecciones con *Orthohantavirus* en roedores de tres comunidades ribereñas cercanas a la ciudad de Santa Fe, pertenecientes al valle de inundación del río Paraná. Cada asentamiento fue dividido en tres sitios de estudio según el nivel de perturbación antrópica, colocándose en cada sitio una grilla de 25

estaciones de trampeo consistentes en una trampa tipo Sherman y una trampa jaula. Los sitios se muestrearon entre 2014 y 2015, en dos primaveras y un otoño. En cada muestreo las trampas permanecieron activas durante tres días consecutivos. Se utilizó ELISA IgG para detectar anticuerpos contra *Orthohantavirus* en muestras de suero o sangre. Se capturaron 113 roedores pertenecientes a tres especies introducidas y cinco especies nativas, de estos últimos resultaron seropositivos 10 individuos de *Scapteromys aquaticus* (TABLA 1).

Especie	Analizados	Negativos (%)	Positivos (%)	P
				0.103
<i>Akodon azarae</i>	21 (18,6 %)	21 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Scapteromys aquaticus</i>	53 (46,9 %)	43 (81,1 %)	10 (18,9 %)	
<i>Holochilus chacarius</i>	1 (0,88 %)	1 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Oligoryzomys flavescens</i>	20 (17,7 %)	20 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Oligoryzomys nigripes</i>	3 (2,65 %)	3 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Mus musculus</i>	12 (10,6 %)	12 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Rattus norvegicus</i>	1 (0,88 %)	1 (100 %)	0 (0 %)	
<i>Rattus rattus</i>	2 (1,77 %)	2 (100 %)	0 (0 %)	

TABLA 1. Seroprevalencia de anticuerpos IgG contra *Orthohantavirus* en roedores de comunidades ribereñas de Santa Fe, Argentina (Sep-Oct 2014; Mar-Apr 2015; Sep-Oct 2015). P: P-valor del test Chi-cuadrado

Los animales seropositivos se capturaron en un sitio con alta perturbación antrópica, fueron en su mayoría individuos maduros sexualmente (80 %), con una mayor proporción de hembras (70 %), y

con una condición corporal baja (50 %). Dos de estos animales habían sido previamente identificados como seropositivos a infección con *Leptospira*. Nuestros resultados describen una nueva especie hospedadora de un *Orthohantavirus* no identificado, que podría estar ocasionando casos de SPH en poblaciones humanas de Santa Fe.

Palabras clave: enfermedades transmitidas por roedores, *Orthohantavirus*, *Scapteromys aquaticus*, especies reservorio, enfermedades zoonóticas.

Primer análisis de la secuencia completa del gen VP2 de una cepa local de parvovirus porcino

MARÍA GABRIELA RODRÍGUEZ¹, LEONARDO D. GALETTO^{2,3}, CAROLINA GABRIELA ASPITIA⁴, SANTIAGO EMANUEL COLINA^{2,4}, GERMÁN ERNESTO METZ^{2,4}, JAVIER ALEJANDRO CAPPUCCIO^{2,3}, MARÍA GABRIELA ECHEVERRÍA^{2,4}, MARÍA SOLEDAD SERENA^{2,4} Y MARINA GALLO CALDERÓN¹

¹ Instituto de Ciencia y Tecnología «Dr. Cesar Milstein», Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Grupo Sanidad Animal, Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez (EEA-INTA Marcos Juárez). Marcos Juárez, Córdoba, Argentina

⁴ Cátedra de Virología, Centro de Microbiología Básica y Aplicada, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

marinagallocalderon@yahoo.com.ar

El parvovirus porcino (PPV) es uno de los agentes infecciosos más importantes que se asocia a fallas reproductivas en granjas porcinas. En Argentina, como en otros países donde la producción porcina es de importancia económica, estas fallas son un gran problema. El PPV es un virus con genoma ADN monocatenario (cadena negativa) de aproximadamente 5000 nt. La cápside es icosaédrica, no envuelta y está formada por copias múltiples de VP1, VP2 y VP3. En los últimos años, se viene reportando una variación genética entre las cepas de

campo y las cepas de referencia y/o vacunales. Además, se sabe que las cepas de PPV se pueden distinguir por su diferente patogenicidad; las sustituciones de pocos residuos en la VP2 (D378G, H383Q y S436P), son responsables de las distintas propiedades biológicas entre las cepas NADL-2 y Kresse (vacuna y salvaje, respectivamente). El objetivo de este trabajo fue amplificar por PCR el gen completo de la VP2 de una cepa local y analizar la secuencia respecto de cepas vacunales y de referencias publicadas en el Genbank. A partir del ADN extraído de la cepa autóctona CC7, aislada de un feto porcino, se logró amplificar por PCR el gen VP2. El fragmento obtenido (1740 nt) fue clonado en el pGEM®-T Easy Vector y secuenciado. La secuencia obtenida muestra un 99,66 % de homología con la cepa GD2013 de origen chino y con las cepas vacunales NADL-2 y POVCAP. Asimismo, el análisis de la secuencia aminoacídica muestra tres cambios únicos (Q303L, V335G, H440N) y un cambio que se encuentra también en otras cepas salvajes (I321T). Estudios previos realizados en nuestro país, se basan en la amplificación de un fragmento de 619 bp del gen de la VP2 para la caracterización molecular. En este trabajo, se pudo obtener, por primera vez en Argentina, su secuencia completa. Los resultados obtenidos coinciden con los de otros autores en lo que respecta a la alta homología entre cepas de campo y vacunales. Estos resultados evidencian la necesidad de realizar un análisis más exhaustivo de la variabilidad genética entre cepas y la posible asociación con los cuadros reproductivos.

Palabras clave: parvovirus porcino, VP2, secuencia, Argentina.

Primer reporte de SARS-CoV-2 detectado en un gato de Argentina

MARÍA EMILIA BRAVI^{1,2}, CARLOS JAVIER PANEI^{1,2}, GASTÓN ANDRÉS MORÉ^{1,3}, JUAN MANUEL UNZAGA³, LORENA ALEJANDRA DE FELICE³, MARCOS SALINA², FERNANDO DAVID RIVERO⁴, DAVID DI LULLO⁴, MARCELO RICARDO ÍTALO PECORARO² Y NADIA ANALÍA FUENTEALBA^{1,2}

¹ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Virología (LAVIR), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio de Inmunoparasitología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

⁴ Instituto Multidisciplinario de Salud, Tecnología y Desarrollo (IMSaTeD) (CONICET-UNSE). Santiago del Estero, Argentina

mariaemiliabravi@gmail.com

El síndrome respiratorio agudo severo coronavirus 2 (SARS-CoV-2) es el responsable de la pandemia de COVID-19 (*coronavirus disease* 2019). Los diferentes análisis realizados hacen suponer que se originó a partir de coronavirus de murciélago; sin embargo, aún se desconoce el animal que podría haber actuado como intermediario. Los coronavirus son una preocupación en salud pública por su potencial zoonótico, capaz de causar nuevos brotes de enfermedades. La diversidad genética, debida a la alta frecuencia de mutación y los eventos de recombinación, probablemente esté relacionada con la variedad de hospedadores. Este hecho plantea la necesidad de realizar el monitoreo de animales para determinar el posible rol que cumplen como hospedadores naturales, vectores o reservorios del virus,

permitiendo evaluar la dinámica de la infección y considerándose una herramienta fundamental para la vigilancia epidemiológica. Hasta el momento, se han reportado detecciones de infección en felinos, caninos, hurones y visones, lo que demuestra que varias especies de animales son susceptibles al SARS-CoV-2. Asimismo, se reportó la presencia de anticuerpos específicos en sueros de caninos y felinos. El objetivo de este trabajo fue detectar la presencia de SARS-CoV-2 en mascotas que habían estado en contacto estrecho con sus dueños, previamente confirmados como COVID-19 positivos. Se procedió a la toma de muestra de gatos y perros. Se tomaron muestras de hisopados orofaríngeos y rectales, y se analizaron mediante ensayo de RT-PCR en tiempo real. Por otro lado, se tomaron muestras de sangre para la detección de anticuerpos. Se detectó un gato reactivo al SARS-CoV-2 por RT-PCR en tiempo real, que solo presentó estornudos como signo clínico. Este resultado fue reportado a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). El análisis serológico confirmó la presencia de anticuerpos en ese mismo gato, como también en un segundo gato no reactivo a la RT-PCR en tiempo real. Nuestros resultados confirman la primera detección de SARS-CoV-2 en un gato infectado naturalmente en Argentina. Esto reafirma la importancia que implica poder identificar el papel que cumplen los animales y la posible transmisión zoonótica.

Palabras clave: SARS-CoV-2, COVID-19, coronavirus, gatos, perros, zoonosis.

Descripción de la situación de los principales retrovirus felinos en la ciudad de Montevideo y zona metropolitana

ANA CAROLINA ACEVEDO DA ROSA, GABRIELA VERÓNICA FRANCO MORENO, VALENTINA BARRIOS TABAKIÁN, MARÍA LAUREANA DE BRUN MÉNDEZ Y RODRIGO PUENTES

Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

caracevedo@hotmail.com

Los retrovirus son agentes virales muy importantes que infectan a los felinos de todo el mundo produciendo, entre otras cosas, leucemia felina e inmunodeficiencia felina. Su prevalencia varía mucho según las técnicas empleadas para su diagnóstico. Se ha reportado una prevalencia del 2,3 % al 15,6 % al virus de la leucemia felina (VileF), según la región analizada. El virus de la inmunodeficiencia felina (VIF) se divide en cinco subtipos denominándose desde A hasta E. En la región en estudio se han reportado los subtipos A, B, C y E. En Uruguay no existen publicaciones sobre la situación de estos virus, por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue estudiar y conocer la situación epidemiológica de ambos virus en la población felina de Montevideo y zona metropolitana. En el año 2020 se colectaron 117 muestras de sangre entera de felinos de entre 6 meses a 15 años de edad, de las cuales 47 fueron hembras y 70 machos. Las muestras fueron obtenidas cuando los felinos acudieron a clínicas privadas por

diferentes patologías (orales, respiratorias, digestivas, etc.) o esterilización programada. Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Microbiología de la Facultad de Veterinaria donde se les realizó extracción de ADN utilizando un *kit* comercial. Para la determinación de la presencia de provirus de VileF se realizó una *nested* PCR siguiendo el protocolo descrito en la bibliografía consultada. Para determinar los subtipos circulantes de VIF se realizó una *nested* PCR siguiendo el protocolo [HUGUET y col. \(2019\)](#). Las muestras de VIF positivas se enviaron a secuenciar y fueron analizadas *in silico*. De las 117 muestras analizadas para VileF un 56 % fueron positivas a provirus y de estas un 36 % eran hembras y un 64 % machos, estando la mayoría en la etapa de adulto joven. Para VIF se mandaron a secuenciar 7 muestras positivas obteniéndose los subtipos A y B. En base a lo anteriormente expuesto se observó una alta prevalencia de provirus de ViLeF, así como la presencia de los subtipos A y B de VIF, coincidiendo con los subtipos ya circulantes en la región. Este trabajo es la primera descripción sobre la situación de estas virosis en Uruguay.

Palabras clave: retrovirus, felinos, prevalencia, subtipo, Uruguay.

Efecto de la ozonoterapia en el *Protoparvovirus carnívoro tipo 1*

**GABRIELA VERÓNICA FRANCO MORENO Y RODRIGO
PUENTES**

Unidad de Microbiología, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República
(UDELAR). Montevideo, Uruguay

gabrielafranco.moreno@gmail.com

El *Parvovirus canino tipo 2*, actualmente reclasificado y denominado *Protoparvovirus carnívoro tipo 1* (CPPV-1), es uno de los agentes virales infecciosos más importante como causante de muerte de cachorros caninos. Produce una profusa diarrea hemorrágica y el tratamiento consiste en administrar terapia de sostén, no existiendo un tratamiento antiviral específico. La ozonoterapia se considera una pro-droga que activa el sistema antioxidante endógeno mostrando múltiples efectos beneficiosos, como inmunoestimulación e inactivación de patógenos como por ejemplo los virus desnudos mediante la peroxidación de las proteínas de la cápside. Por lo expuesto, el objetivo de este trabajo fue evaluar la eficacia de la ozonoterapia frente al CPPV-1 *in vivo* e *in vitro*. Se conformaron dos grupos al azar de 10 caninos naturalmente infectados. Ambos recibieron el tratamiento sintomático, y uno de los grupos recibió, concomitantemente, ozonoterapia por vía intrarrectal. Se registró la evolución clínica, sobrevida, días de internación, serología y excreción viral en todos los animales. Para el ensayo *in vitro*, se propagó CPPV-1 en la línea celular CRFK y se prepararon 3 alícuotas virales. Un alícuota (control viral) no recibió ozono y las otras dos (denominadas A y B) recibieron ozono. A la alícuota A se le aplicó ozonoterapia a la misma

concentración que la utilizada en el ensayo clínico (17 µg/ml) y a la alícuota B se la trató con una concentración mayor (35 µg/ml) que es la indicada para la desinfección ambiental. Todas las alícuotas fueron analizadas mediante las técnicas de hemaglutinación viral y ddPCR. En el ensayo clínico *in vivo* no se observó diferencia estadísticamente significativa entre ambos grupos de animales en ninguno de los parámetros analizados. En cambio, el ensayo *in vitro* demostró que el tratamiento con ozono disminuyó la capacidad hemaglutinante y el título viral por ddPCR del CPPV-1, datos que se muestran en la siguiente tabla:

Alícuota	Título en UHA	Título Copias/µl ddPCR
CONTROL	128	303.500
A	32	84.400
B	-	8.165

Este trabajo es el primero en estudiar el efecto de la ozonoterapia en el CPPV-1 *in vivo* e *in vitro*, demostrándose un claro efecto deletéreo frente al CPPV-1 *in vitro*. Sin embargo, son necesarias más investigaciones para dilucidar el potencial efecto beneficioso de la terapia con ozono en caninos infectados con parvovirus.

Palabras clave: ozono, parvovirus canino, CPV-2, CPPV-1.

EJE

Diagnóstico microbiológico



Identificación de agentes patógenos causantes de mastitis bovina proveniente de diferentes provincias de Argentina

VERÓNICA ELIZABETH NEDER¹, LUIS FERNANDO CALVINHO^{1,2}, CARLOS ALBERTO VITULICH^{1,2} Y ALEJANDRO SMULOVITZ FERRERO¹

¹ Laboratorio de Diagnóstico Microbiológico, Estación Experimental Agropecuaria Rafaela (EEA-INTA Rafaela). Rafaela, Santa Fe, Argentina

² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

neder.veronica@inta.gob.ar

La mastitis es la inflamación de la glándula mamaria (GM), causada por microorganismos que dañan el tejido mamario, alteran la calidad y cantidad de leche producida, generando grandes pérdidas económicas tanto al productor como a la industria láctea. Es una enfermedad multicausal, ya que aparte del organismo causante, influyen el ambiente, el estado de la vaca y las prácticas de manejo deficientes. Los patógenos de mastitis se clasifican en contagiosos y ambientales. Los primeros viven y se multiplican en la GM y la piel del pezón, se transmiten de animal a animal principalmente durante el ordeño, mientras que los segundos tienen como principal reservorio el ambiente donde vive la vaca. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia y distribución de organismos causantes de infecciones intramamarias. Se procesaron un total de 2294 muestras de mastitis clínicas y subclínicas provenientes de tambos ubicados en

las provincias de Santa Fe, Córdoba, Entre Ríos y Buenos Aires, que fueron remitidas al laboratorio de microbiología de la EEA-INTA Rafaela durante los años 2018-2020. Las muestras se cultivaron (10 µl) en agar base Columbia enriquecido al 5 % con sangre bovina en aerobiosis, incubándose durante 24-48 h a 37 °C y los aislamientos fueron identificados por metodología clásica. En el [GRÁFICO 1](#) se muestran los microorganismos aislados.

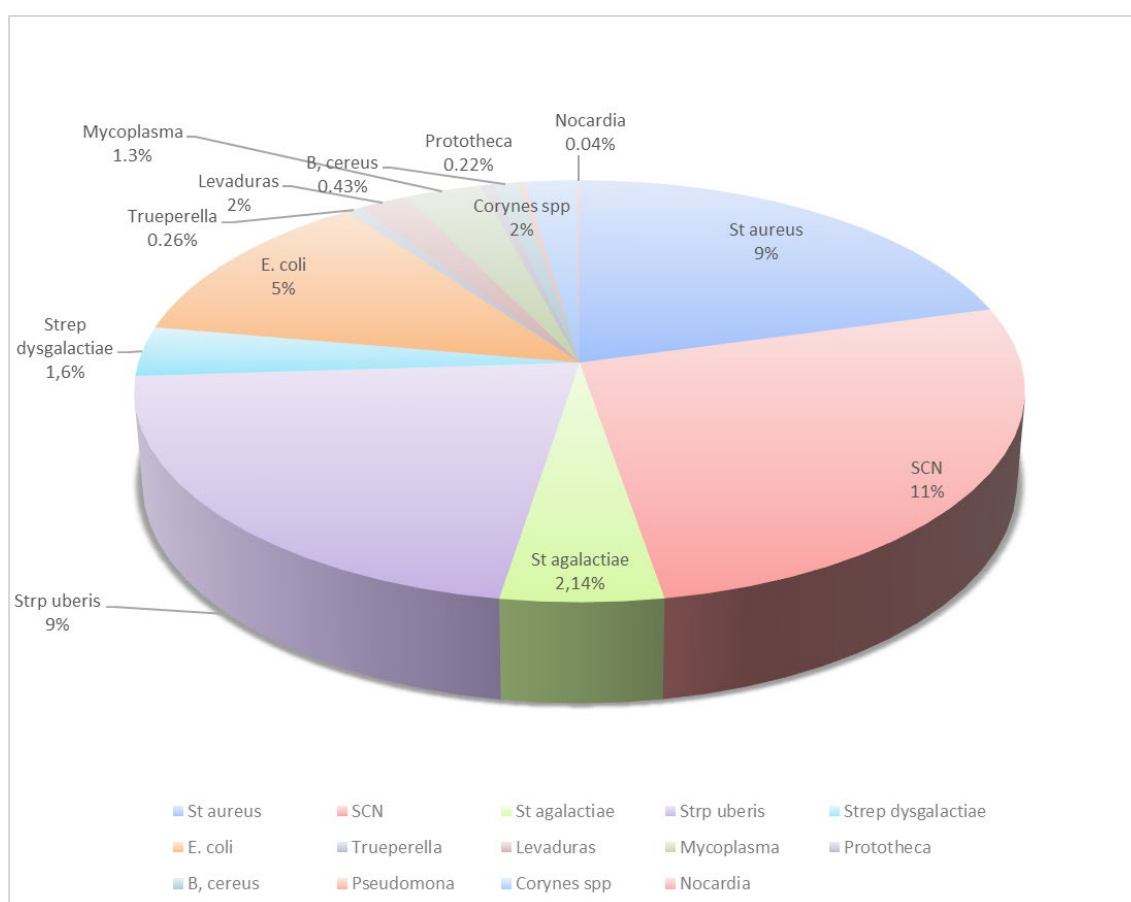


GRAFICO 1. Distribución de patógenos de mastitis sobre 2294 muestras de leche procesadas en el laboratorio de microbiología EEA-INTA Rafaela durante el periodo 2018-2020

Los principales patógenos intervinientes fueron bacterias ambientales y *Staphylococcus coagulasa negativos* (SCN) junto con S.

aureus. Algunos autores como [DIESER](#) (2014) también hallaron SCN como patógeno más aislado seguido por *S. aureus*. En escaso porcentaje se evidenció la presencia de patógenos mayores generalmente aislados con baja frecuencia como *Trueperella pyogenes*, *Prototheca spp*, *Nocardia spp* y *Bacillus cereus*. El aislamiento de *Mycoplasma spp*, si bien ocurre en un número bajo de muestras, puede afectar a un porcentaje muy alto de las vacas ya que es un patógeno contagioso emergente en nuestro país ([NEDER et al.](#), 2020). Hubo un 52 % de muestras sin desarrollo. Si bien se utilizó una muestra de conveniencia, estos resultados muestran un incremento relativo del aislamiento de patógenos ambientales respecto de los contagiosos, comparado con estudios realizados antes de la década de 2010.

Palabras clave: mastitis, bovinos, diagnóstico, Argentina.

Aguará guazú y leptospirosis

«Develando el enigma»

BETINA MARIÑO¹, ANTONIO SCIABARRASI^{2,3}, YOSENA CHIANI⁴, NOELIA LANDOLT⁴, PAULINA JACOB⁴ Y MARÍA FERNANDA SCHMELING⁴

¹ Cátedra Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

² Cátedra de Zoología, Diversidad y Ambiente, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

³ Centro de Rescate, Rehabilitación y Reubicación de Fauna «La Esmeralda». Santa Fe, Argentina

⁴ Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias «E. Coni». Santa Fe, Argentina

bmarino@fcv.unl.edu.ar

La leptospirosis es la zoonosis más difundida en el mundo. Los animales silvestres son reservorios importantes que eliminan leptospiras a través de la orina contaminando el ambiente. El aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*) es un cánido, con hábitos de cazador de fauna de humedales, convirtiéndolo en un potencial reservorio de la enfermedad. El objetivo de esta investigación fue evaluar la tasa de seropositividad en aguará guazú. Se obtuvieron muestras de suero de 25 animales «clínicamente sanos», alojados en el Centro Provincial de Rescate, Rehabilitación y Reubicación de Fauna «La Esmeralda» en la ciudad de Santa Fe, Argentina (Protocolo Provincial, Ley 12.182). Las muestras de suero se procesaron mediante la prueba de aglutinación microscópica (MAT), técnica serológica de referencia internacional. Se utilizaron los siguientes Serogrupos/serovares: Ballum/Castellonis, Canicola/Canicola, Icterohaemorrhagiae/Copenhageni, Pomona/Pomona, Pyrogenes/Pyrogenes, Tarassovi/Tarassovi, Sejroe/Wolffii,

Sejroe/Hardjo, Sejroe/Sejroe, Bataviae/Bataviae, Australis/Australis, Autumnalis/Autumnalis, Cynopteri/Cynopteri, Hebdomadis/Hebdomadis, Javanica/Javanica y Panama/Panama. El título 1:100 se consideró como valor de corte siguiendo las recomendaciones de la Asociación Argentina de Veterinarios de Laboratorios de Diagnóstico (AAVLD). La tasa de seropositividad en las muestras estudiadas fue 72% (n=18). En 17 muestras se obtuvieron títulos frente a más de un serogrupo. El serogrupo más frecuente fue Autumnalis (18/18, 100 %) seguido de Canicola (12/18, 67 %) e Icterohaemorrhagiae (10/18, 56 %). Autumnalis fue el serogrupo reaccionante a títulos más altos en 12 muestras, con títulos de 1/200 a 1/800. Estos resultados demuestran la presencia de anticuerpos antileptospira en la especie cánida aguará guazú, develando la importancia del estudio de la fauna y su rol en el mantenimiento y la transmisión de la enfermedad. Los estudios de leptospirosis en aguará guazú siguen siendo un desafío para el conocimiento sobre los serotipos prevalentes en esta especie y en nuestra región.

Palabras clave: leptospirosis, aguará guazú, diagnóstico, suero.

Tuberculosis en gatos domésticos de la provincia de Santa Fe, Argentina

MARÍA JIMENA MARFIL¹, PABLO JESÚS BORRÁS², LUCÍA BAGATTIN³, MARÍA DEL ROSARIO MARINI³, MELISA VICTORIA SPADARO⁴, NATALIA YAAFAR⁵, JAVIER EDUARDO SARRADEL⁴, ANA CANAL³, MARCELA MARTÍNEZ VIVOT¹ Y SOLEDAD BARANDIARAN¹

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

² Servicio de Enfermedades Infecciosas y Parasitarias, Clínica Veterinaria Panda. Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Cátedra de Patología Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Santa Fe, Argentina

⁴ Cátedra de Patología General y Especial Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Santa Fe, Argentina

⁵ Clínica de Animales de Compañía, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Santa Fe, Argentina

jmarfil@fvet.uba.ar

La tuberculosis en felinos es causada principalmente por *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*), micobacteria zoonótica con amplio rango de hospedadores susceptibles. La provincia de Santa Fe, principal cuenca lechera del país, tiene la mayor cantidad de casos de tuberculosis zoonótica y animal. La tuberculosis animal por *M. bovis* es cada vez más comunicada en otras especies diferentes a los bovinos, como son los recientes reportes en felinos domésticos. La transmisión en los felinos puede ser tanto aerógena (entre gatos o por contacto con animales infectados) como digestiva (más común en felinos urbanos, por consumo de vísceras contaminadas). El objetivo de este

trabajo es documentar casos de *M. bovis* en felinos de la provincia de Santa Fe, Argentina, y describir los diferentes genotipos presentes en esta población. Se estudiaron 7 casos de felinos de dos zonas de la provincia de Santa Fe (Casilda y Santa Fe). Dos eran felinos rurales que convivían con aves y bovinos, y cinco eran felinos urbanos. Se realizó cultivo bacteriológico en medio de Stonebrink y Löwenstein Jensen; a las colonias desarrolladas se les realizó la tinción de Ziehl Neelsen y fueron confirmadas y tipificadas por técnicas moleculares. Se identificaron las micobacterias por amplificación del gen que codifica para la proteína de shock térmico *hsp65*, y luego se identificó la pertenencia al complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMT) y complejo *Mycobacterium avium* (CMA) amplificando las secuencias de inserción 6110 y 1245 respectivamente. Aquellas micobacterias pertenecientes al CMT fueron posteriormente genotipificadas por Spoligotyping. Se detectaron micobacterias en todas las muestras procesadas. Se identificó *M. bovis* en 6 animales, siendo los spoligotipos observados: SB0140 (2); SB1141; SB0520 (3). Se detectó coinfección de *M. bovis* con micobacterias del CMA en un caso. En otro felino, cuya lesión era compatible con tuberculosis, se detectó una micobacteria no tuberculosa (género *Mycobacterium*). La tuberculosis en felinos debe ser sospechada por los veterinarios y correctamente confirmada e identificada mediante bacteriología y genotipificación, debido al riesgo que implica esta importante zoonosis. Los genotipos detectados son los mismos que los identificados en bovinos de la zona, sugiriendo un rol importante en la transmisión de tuberculosis animal hacia los felinos.

Palabras clave: *Mycobacterium bovis*, felinos, zoonosis, Spoligotyping.

Coinfección por *Brachyspira pilosicoli* y *Lawsonia intracellularis* en cerdos de desarrollo con diarrea severa

JORGE PABLO GARCÍA¹, MARÍA BELÉN RICCIO¹, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE², GERMÁN JOSÉ CANTÓN², CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{3,4}, CAROLINA GABRIELA ASPITIA⁵ Y MIGUEL ÁNGEL QUIROGA⁵

¹ Servicio de Diagnóstico Veterinario. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN) (CIC-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Comisión de Investigaciones Científicas (CIC). La Plata, Buenos Aires, Argentina

⁴ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Microbiología, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN) (CIC-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Laboratorio de Patología Especial Veterinaria (LAPEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

jorge@vet.unicen.edu.ar

Los problemas digestivos junto con los respiratorios son la causa más frecuente de pérdidas directas e indirectas en las granjas porcinas. Los cuadros digestivos que afectan a los cerdos en desarrollo/engorde son producidos casi exclusivamente por agentes bacterianos solos o en infecciones mixtas, resultando estas últimas más difíciles de diagnosticar. En el Servicio de Diagnóstico Veterinario (FCV-UNCPBA) se atendió la consulta por un cuadro grave de diarrea en cerdos de desarrollo. Se recibieron tres cerdos de 80 días a los que

se les realizó necropsia y extracción de muestras para estudios complementarios. Dos de los cerdos presentaron enteritis fibrinonecrotizante segmental severa que comprometía íleon y parte distal del yeyuno. En dos animales se observó bronconeumonía supurativa. Se obtuvieron muestras para histopatología y de cada animal se colectaron materia fecal y segmentos de intestino para estudios moleculares dirigidos a la identificación de *Lawsonia intracellularis*, *Brachyspira hyodysenteriae* y *Brachyspira pilosicoli*. También se obtuvo contenido colónico para aislamiento de *Salmonella* spp. La histopatología evidenció, en intestino delgado, enteritis necrotizante difusa severa con hiperplasia de enterocitos inmaduros en las criptas, bacterias intralesionales y trombosis, compatible con infección por *L. intracellularis*. En colon, se observó colitis catarral, con hiperplasia de células caliciformes y abscesos en criptas, sugestiva de infección por *Brachyspira* spp. Mediante la técnica de PCR múltiple se identificaron, a partir de materia fecal, secuencias específicas de ácidos nucleicos correspondientes a *Brachyspira pilosicoli*, y a partir del raspado de mucosa intestinal, a *Lawsonia intracellularis*. La búsqueda de *Salmonella* spp. resultó negativa. Se arribó al diagnóstico de coinfección por *Brachyspira pilosicoli* (espiroquetosis intestinal porcina) y *Lawsonia intracellularis* (forma ileítis necrótica). Si bien diversos estudios han demostrado la presencia de más de un enteropatógeno en granjas con cuadros de diarrea en desarrollo/engorde, los porcentajes de detección de más de un agente en un mismo individuo resultan muy variables. Teniendo en cuenta que, en animales vivos, el patrón de eliminación fecal de estos agentes es intermitente, se recomienda el uso conjunto de técnicas diagnósticas anatomopatológicas y de biología molecular a partir de muestras cadavéricas a fin de aumentar las chances de detección de agentes entéricos.

Palabras clave: cerdos, diarreas, *Brachyspira pilosicoli*, *Lawsonia intracellularis*.

Mastitis and death of a Corriedale ewe associated with *Mycoplasma* spp. infection in Buenos Aires province

**GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹, MARÍA ANDREA FIORENTINO¹,
ELEONORA LIDIA MORRELL¹, FACUNDO URTIZBIRÍA¹, JUAN
IGNACIO LOBO¹, ERIKA ELIZABETH STICOTTI² Y PABLO
TAMIOZZO²**

¹ Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (EEA-INTA Balcarce). Balcarce, Buenos Aires, Argentina

² Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

canton.german@inta.gob.ar

Mycoplasma spp. infections are associated with different clinical syndromes in ruminants: mastitis, pneumonia, arthritis, otitis, among others. Nevertheless, case reports of clinical diseases associated with *Mycoplasma*-infections are scarce in small ruminants of Argentina. *Mycoplasma agalactiae* and *Mycoplasma capricolum* are the causal agents of contagious agalactia, an exotic disease in the region, although *M. agalactiae* was detected by PCR. Therefore, strict surveillance of these pathogens is needed. We report a case of severe mastitis and death of a 7-years-old Corriedale ewe in a flock from Buenos Aires province. The affected ewe had delivered twin lambs 15 days before clinical disease was detected and died. During *post mortem* examination, supramammary lymphadenomegaly was evident. Mammary gland was enlarged and firm, with cyanotic skin and superficial edema; multiple caseous whitish foci were observed in the mammary parenchyma. Similar caseous foci were observed in the

caudal-ventral lobes of the right lung. In the histopathological analysis, chronic multifocal necrotizing severe mastitis and fibrinous bronchopneumonia with multifocal necrosis and fibrinous pleurisy were observed. Mammary gland and lung was cultured in Columbia blood agar, Mc Conkey and Hafliks modified media. *Mycoplasma* spp. was isolated from the mammary gland in Hafliks modified media. DNA was extracted from mammary gland and lung, and a nested-PCR for *Mycoplasma* spp. resulted positive. Sequencing analysis confirmed the presence of *M. arginini* and *M. bovis* in mammary gland and lung, respectively. The pathological findings were similar to the described in cases of contagious agalactia, therefore, *Mycoplasma* speciation was decided in order to discard the presence of this exotic disease. *M. arginini* has been associated with mastitis in goats and it has been isolated from mammary gland and lung from sheep. *M. bovis* is commonly associated with pneumonia in lambs. Unfortunately, Columbia blood agar and Mc Conkey cultures were contaminated, therefore, the presence of other bacterial pathogens was not possible.

Keywords: *Mycoplasma*, sheep, mastitis, pneumonia.

Septicemia en terneros de tambo causada por *Escherichia coli* multirresistente productora de toxina Shiga

GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹, CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{2,4}, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE¹, ROCÍO COLELLO⁵, MARÍA VICTORIA VÉLEZ⁵, NORA LÍA PADOLA⁵, JORGE PABLO GARCÍA³ Y MARÍA BELÉN RICCIO³

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva (SAMP), Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Microbiología (SAMP-CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Servicio de Diagnóstico Veterinario, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Laboratorio de Inmunoquímica y Biotecnología (SAMP-CIVETAN-CONICET-CICPBA-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

jcanton@vet.unicen.edu.ar

Las enfermedades infecciosas bacterianas son una de las principales causas de mortandad en terneros de tambo causando problemas digestivos, respiratorios o septicémicos. El caso clínico se presentó en un tambo con una guachera colectiva conformada por ocho terneras, de las cuales dos terneras desarrollaron diarrea sanguinolenta severa. Las terneras afectadas fueron tratadas con dos

litros de sales rehidratantes por vía oral, flunixin y enrofloxacin vía parenteral sin respuesta al tratamiento. Una de las terneras fue enviada al Servicio de Diagnóstico Veterinario (FCV-UNCPBA) para su necropsia. Se observó la zona perineal con materia fecal amarilla de consistencia pastosa, hemorragias petequiales subepicárdicas en ventrículo derecho y meninges opacas. Se obtuvieron muestras estériles de pulmón, bazo, cerebro, hígado, bilis y contenido intestinal para aislamiento bacteriológico y antibiograma; muestras de material fecal para estudio parasitológico (HPG y OPG), y muestras de órganos en formol para histopatología. El antibiograma se realizó por el método de Kirby Bauer teniendo en cuenta los marcadores del CLSI (2019). En todas las muestras se aisló *Escherichia coli* (*E. coli*) en pureza. Las cepas fueron sensibles a gentamicina y resistentes a trimetoprim sulfamida, enrofloxacin, ceftiofur y tetraciclina. Los aislamientos se derivaron para la detección de los genes codificantes de toxinas y adhesinas característicos de *E. coli* enterotoxigénica (ETEC), enteropatógena (EPEC) y productora de toxina Shiga (STEC), por medio de la técnica de PCR. Todos los aislamientos fueron positivos a los genes *stx1*, *eae* pertenecientes a STEC. El estudio parasitológico fue negativo. Las lesiones histológicas fueron compatibles con septicemia. En base a los resultados se determina que la causa de muerte fue septicemia por STEC multirresistente. Si bien *E. coli* es un microorganismo comensal que forma parte de la microbiota intestinal de los rumiantes, la adquisición de factores de virulencia de STEC lo hacen un patógeno emergente asociado a casos de diarreas y septicemia en terneros; brotes de diarrea, colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico en humanos. Se recomienda la determinación del patotipo y el antibiograma de los aislamientos de *E. coli*, ya que no solo son patógenas para los animales sino también para las personas en contacto con los mismos.

Palabras clave: terneros, diarreas, septicemia, *Escherichia coli*, STEC, multirresistente.

Importancia del estudio integral y la implementación de diferentes métodos diagnósticos en la confirmación de la leptospirosis bovina

YANINA PAOLA VIDELA^{1,2}, SILVINA QUINTANA^{3,4}, PEDRO SOTO⁵ Y EXEQUIEL ALEJANDRO SCIALFA^{1,6}

¹ Centro Regional de Estudio Sistémico de las Cadenas Agroalimentarias (CRESCA), Facultad de Agronomía, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Azul, Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

³ Instituto de Investigaciones en Producción Sanidad y Ambiente (IIPROSAM) (CONICET-CIC-UNMDP). Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina

⁴ Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Análisis Fares Taie. Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina

⁵ Laboratorio Biológico de Tandil (BIOTANDIL). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁶ Departamento de Zoonosis Rurales. Azul, Buenos Aires, Argentina

yvidela@faa.unicen.edu.ar

La leptospirosis bovina es causa de pérdidas económicas debido a infertilidad, abortos, nacimientos de terneros débiles y prematuros, y caída de la producción láctea. Para arribar al diagnóstico de la enfermedad es necesario tener en cuenta los antecedentes sanitarios y productivos del rodeo y estudios de laboratorio confirmatorios. El presente trabajo describe el procedimiento diagnóstico implementado en un establecimiento ganadero del partido de Azul, provincia de Buenos Aires, con sospecha de leptospirosis (abortos y porcentajes de parición del 77 % en vacas y del 40 % en vaquillonas). Las técnicas utilizadas incluyeron el test de microaglutinación (MAT)

utilizando 12 serovares de *Leptospira sp.* (serogrupo Pomona serovar Pomona; serogrupo Icterohaemorrhagiae serovares Copenhageni e Icterohaemorrhagiae; serogrupo Canicola serovar Canicola; serogrupo Pyrogenes serovar Pyrogenes; serogrupo Sejroe serovares Hardjo y Wolffi; serogrupo Grippotyphosa serovar Grippotyphosa; serogrupo Ballum serovar Castellonis; serogrupo Hebdomadis serovar Hebdomadis; seogrupo Tarassovi serovar Tarassovi); cultivo microbiológico en medio EMJH semisólido y PCR en tiempo real. Se estudiaron 9 toros (1 muestra de suero y de esmegma prepucial/animal), 8 vacas (orina), 5 caninos (suero) y 3 fuentes de agua. Mediante MAT, 7/9 toros fueron serorreactivos para Canicola, Hebdomadis, Pomona y Sejroe (s. Hardjo y S. Wolfii), siendo este último el más prevalente (55,6 %) (ver TABLA). En los caninos, 2/5 resultaron seroreactivos, ambos con títulos de 1/100 para los serogrupos Pomona e Icterohaemorrhagiae. Se detectó la presencia de ADN de *Leptospira sp.* patógena en 6/9 muestras de esmegma prepucial y el desarrollo de *Leptospira sp.* en una de ellas. Los cultivos de muestras de agua y orina resultaron negativos.

Resultados de diagnóstico serológico, microbiológico y molecular de los machos							
TIPO DE MUESTRA	Suero sanguíneo					Esmegma prepucial	
TÉCNICA DIAGNÓSTICA	Serología (MAT)*					Cultivo microbiológico	Detección de ADN (PCR)
SEROGRUPOS	Canicola (s. Canicola)	Sejroe (s. Hardjo)	Hebdomadis (s. Hebdomadis)	Pomona (s. Pomona)	Sejroe (S. Wolfii)		
ID ANIMAL							
T1	-	-	-	-	1/100	-	No detectable
T2	1/100	-	-	1/100	-	-	Detectable
T3	-	-	1/100	-	1/100	-	Detectable
T4	-	1/200	1/100	-	1/400	-	Detectable
T5	-	1/100	1/100	-	1/100	Positivo	Detectable
T6	1/100	-	-	-	-	-	Detectable
T7	-	-	-	-	-	-	Detectable
T8	-	1/200	-	-	1/200	-	No detectable
T9	-	-	-	-	-	-	No detectable
Total (%)	22.2	33.3	33.3	11.1	55.5		

* Se muestran solo serovares reactivos

El estudio en muestras de suero y orina no permitió confirmar la infección aguda en el rodeo, por un lado, debido a los títulos

observados y a la imposibilidad de demostrar la seroconversión por falta de la segunda muestra; por otro lado, a la ausencia de desarrollo de leptospiras en los cultivos de orina. Sin embargo, el estudio de esmegma prepucial reveló la presencia del agente patógeno. Se sugiere la inclusión de los machos en el diagnóstico de la enfermedad y su análisis previo al servicio durante los estudios de rutina de otras enfermedades reproductivas.

Palabras clave: leptospirosis bovina, diagnóstico, toros, esmegma prepucial.

Puesta a punto de una PCR digital (*Droplet Digital* PCR) para diagnóstico y cuantificación de *Staphylococcus aureus* productor de mastitis en Uruguay

LETICIA DIANA¹, ELENA MARÍA DE TORRES TAJES² Y RODRIGO PUENTES¹

¹ Departamento de Patobiología, Facultad de Veterinaria Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

² Campo Experimental N° 2, Facultad de Veterinaria Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

letdiana22@gmail.com

La mastitis bovina producida por *Staphylococcus aureus* genera grandes pérdidas económicas para el productor lechero. Las técnicas moleculares como la PCR nos han permitido realizar el diagnóstico de una gran variedad de patógenos en distintos tipos de muestras incluyendo la leche. En este contexto, la *Droplet Digital* PCR (ddPCR) es la última generación de PCR que permite poder amplificar y cuantificar patógenos partiendo de muestras muy complejas o poco concentradas ya que tiene una gran sensibilidad y precisión, comparando con las técnicas existentes (PCR convencional y PCR en tiempo real). El objetivo de este trabajo fue poner a punto una *Droplet Digital* PCR (ddPCR) para la detección y cuantificación de *Staphylococcus aureus* a partir de cultivos y de muestras de leche inoculados artificialmente. Partiendo de cultivos puros de la cepa de referencia *S. aureus* ATCC 6538, se realizó la extracción de ADN

genómico que se diluyó de forma seriada en base 10 (-1 a la -6) para su posterior amplificación y cuantificación por ddPCR. Posteriormente, utilizando una suspensión de $1,5 \times 10^8$ UFC/mL de la cepa ATCC de *S. aureus* se realizaron diluciones en base 10 utilizando como diluyente leche UHT adquirida comercialmente. Se realizó la extracción de ADN genómico para cuantificar la cantidad de ADN bacteriano en cada dilución mediante ddPCR. La amplificación y cuantificación del ADN genómico a partir de los cultivos puros fue óptima obteniendo una cuantificación, en copias/ μ l, descendiente en relación a las diluciones de la -1 a la -6. Se pudo observar que la ddPCR es capaz de cuantificar de forma clara y precisa ADN bacteriano a partir de cultivo, incluso a concentraciones muy bajas de ADN ($\leq 0,3$ ng/ μ l). Finalmente la cuantificación del ADN que se obtuvo en copias/ μ l de las diluciones realizadas en leche fue coherente con las diluciones realizadas. La ddPCR es una herramienta útil y confiable para poder realizar el diagnóstico de la mastitis clínica y subclínica incluso cuando la carga bacteriana es baja. Futuros ensayos se realizarán para comparar los resultados obtenidos con la *real time* PCR y estandarizar la técnica para los demás patógenos de importancia en mastitis.

Palabras clave: producción, enfermedad, biología molecular.

Diagnóstico de *Brucella canis* en aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*)

BETINA MARIÑO¹, ANTONIO SCIABARRASI^{2,3}, PAULA KARINA REJF¹ Y PAULA FAVARO¹

¹ Cátedra Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

² Cátedra Zoología, Diversidad y Ambiente, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral (UNL). Esperanza, Santa Fe, Argentina

³ Centro de Rescate, Rehabilitación y Reubicación de Fauna «La Esmeralda». Santa Fe, Argentina

bmario@fcv.unl.edu.ar

Entre las potenciales amenazas para la conservación de las especies silvestres, tanto a nivel local como global, se encuentran los agentes infecciosos. La brucelosis es una enfermedad antigua y cosmopolita que apareja serios problemas económicos y de salud pública. *Brucella canis* es un cocobacilo aeróbico, gramnegativo que afecta de forma natural únicamente al perro doméstico y a cánidos silvestres. Es una enfermedad zoonótica y dado que es una bacteria intracelular facultativa, una vez ocurrida la infección, el individuo permanece infectado de por vida. El objetivo del presente estudio fue realizar un relevamiento serológico de *Brucella canis*, en aguará guazú (*Chrysocyon brachyurus*), debido a la escasa información disponible a nivel local respecto de esta enfermedad, a la susceptibilidad por parte de esta especie y a la importancia de la conservación de este mamífero para la región. En este estudio se incluyeron muestras de suero de 15 animales que ingresaron al Centro Provincial de Rescate, Rehabilitación y Reubicación de Fauna «La Esmeralda» en el marco del Protocolo Provincial Ley 12.182, entre los años 2014 y 2020,

provenientes de distintas localidades de la provincia de Santa Fe y Entre Ríos, Argentina. Entre los ejemplares muestreados, 9 fueron machos y 6 hembras, en su mayoría adultos, dos de los pacientes presentaron temperatura superior a 39,5 °C al momento de la toma de muestra. Se constató la presencia de enfermedades concomitantes en algunos de ellos, como parasitosis, ceguera, heridas, fracturas. Para realizar el diagnóstico serológico se utilizó la prueba de aglutinación rápida en portaobjetos con 2-mercaptoetanol (2ME-RSAT), confirmando si fuese necesario por la técnica de hemocultivo. Los resultados obtenidos en las pruebas realizadas fueron negativos, lo que sugiere que los animales objeto de este estudio no han estado expuestos a la bacteria. El serodiagnóstico de brucelosis permite determinar si un animal tuvo contacto previo con *Brucella* spp. Consideramos que es importante ampliar estos estudios a los fines de conocer cuál es el rol de los patógenos como *Brucella canis* y su impacto en las poblaciones silvestres de aguará guazú. Focalizar los esfuerzos sobre las enfermedades infecciosas en especies de mamíferos nativos y en particular en esta especie amenazada podría generar estrategias de control y manejo adecuadas.

Palabras clave: diagnóstico, serología, brucelosis, aguará guazú.

Diagnóstico de agentes etiológicos causantes de aborto en un rodeo de vaquillonas Holando de un campo de recría en Uruguay

VALENTINA SKURAS¹, MARÍA LAURENA DE BRUN MÉNDEZ¹, PAULINA MENY², FELIPE SCHELOTTO² Y RODRIGO PUENTES¹

¹Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

²Instituto de Higiene, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

skurasvalentina@gmail.com

En Uruguay, las pérdidas reproductivas son identificadas como problemas relevantes en la producción bovina nacional. El diagnóstico etiológico del aborto bovino es complejo pero fundamental para controlar y prevenir las pérdidas productivas. Como patógenos involucrados tenemos la *Neospora caninum*, mayor causa de abortos del país seguida por *Leptospira* spp. Dentro de las virosis involucradas, están el virus de la rinotraqueítis infecciosa bovina (IBR-BoHV-1), el virus de la diarrea viral bovina (DVB-BVDV), y el gammaherpesvirus tipo 4 (BoHV-4), con altas prevalencias en rodeos lecheros nacionales. El objetivo fue analizar la asociación entre la presencia de dichos agentes y el aborto en vaquillonas Holando. El ensayo se realizó con 12 vacas abortadas de un rodeo de 456 animales del campo de recría en Florida, Uruguay, seronegativos para brucelosis y con semen y toros libres de campylobacteriosis y trichomoniasis. Como grupo control se utilizaron 7 vacas preñadas. Se analizó la presencia de anticuerpos mediante ELISA para leucosis bovina, IBR, BoHV-4, BVD, *N. caninum* y

mediante MAT para *Leptospira*. Además, BoHV-4 fue diagnosticado por PCR. La asociación se determinó por la prueba Chi2 (STATA v14.0) en todos los casos. El total del rodeo presentó un porcentaje de preñez de 90,5 % de las cuales abortaron 2,6 % (12/456). Las seroprevalencias fueron de 71 % BLV+, 97 % DVB+ y 22,5 % IBR+. Se encontró una relación significativa ($Pr=0,027$) entre la presencia de anticuerpos contra *N. caninum* y el aborto. En cuanto a *Leptospira*, se destaca la reactividad alta de anticuerpos contra el serogrupo Ballum cepa Castellonis en vacas abortadas (9/12), siendo éste predominante en 6/9 vacas abortadas ($Pr=0.003$). Se desconoce la patogenicidad del mismo en la especie bovina. Se evidencia una elevada presencia de BoHV-4 tanto en abortadas (11/12) como en controles (7/7), aunque los mayores títulos de anticuerpos se encontraron en tres animales abortados. Concluimos, por los hallazgos encontrados, *N. caninum* sería la causa de aborto en el rodeo, si bien se evidencia que existe circulación tanto de enfermedades virales como bacterianas, que pueden estar interactuando en los resultados. Son necesarias investigaciones que determinen el rol de BoHV-4 y *Leptospira borgpetersenii* serovar Castellonis, como causante de abortos en bovinos e impacto zoonótico.

Palabras clave: aborto, *Neospora*, *Leptospira spp*, BoHV-4.

Análisis microbiológico de muestras de mieles en cinco departamentos del sur de la provincia de Santa Fe

**MILAGROS LÓPEZ HIRIART¹, LEONEL PÉREZ RAYMONDA²,
MARIANELA COVIELLO¹, MARÍA LAURA RISSO¹, ADA
SEGHESSO¹ Y JEREMÍAS SÁNCHEZ¹**

¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa Fe, Argentina

² Escuela Agrotécnica «Libertador Gral. San Martín», Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa Fe, Argentina

millylh@hotmail.com

Santa Fe se encuentra entre las principales provincias productoras de miel a nivel nacional. Este alimento tiene como principal destino el mercado exterior y en menor proporción el fraccionamiento para el abastecimiento del mercado interno. Las características de inocuidad en miel están reguladas por el Código Alimentario Argentino (cap. X, art. 783); estas definen a la calidad de este producto alimenticio, el cual es reconocido a nivel mundial. Este trabajo recolectó muestras de productores apícolas del sur de la provincia de Santa Fe, de los departamentos Rosario, Caseros, San Lorenzo, Iriondo y de la zona de islas del Delta del Paraná. El objetivo fue realizar el análisis microbiológico de miel de 5 muestras. Para ello se tomó 10 g de cada muestra y se colocaron en 90 mL de agua peptonada previamente esterilizada. Se analizó Mohos y levaduras, según la Normas Internacionales APHA (*American Public Health Association*), Coliformes, según las Normas Internacionales de ICMSF (*International Commission on Microbiological Specifications for Foods*) y *Salmonella*

sp., utilizando CHROMagar™. Todas las determinaciones se realizaron por duplicado. No se observó crecimiento en ninguna de las placas ni en las placas control. En conclusión, las 5 muestras analizadas se encuentran dentro de los parámetros permitidos por el Código Alimentario Argentino (CAA) en su art. 783, inc. 6.2. La miel es un producto muy seguro respecto a la presencia de microorganismos responsables de ETA, debido a sus principales características de actividad de agua (*Aw*) y pH, lo que hace un ambiente poco propicio para el desarrollo de estos organismos patógenos. Los análisis microbiológicos permiten evidenciar problemas de manejo y aplicación de buenas prácticas que pudieran impactar en la calidad de un producto como la miel, la cual busca satisfacer la demanda de un mercado cada vez más exigente en alimentos inocuos para la salud de los consumidores. Por ende, es necesario continuar con los análisis de miel para colaborar en mantener los estándares de calidad nacionales e internacionales requeridos.

Palabras clave: miel, análisis microbiológico, inocuidad, calidad, alimentos, manejo.

Brote de mastitis por *Prototheca* spp. y estudio ambiental del agente

GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹, ENRIQUETA BOTTINI², JUAN PEDRO LIRÓN³ Y LUIS I. ÁLVAREZ³

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Área de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva (SAMP), Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN) (UNCPBA-CICPBA-CONICET). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Área de Microbiología (SAMP) (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio de Farmacología, Departamento de Fisiopatología (CIVETAN, UNCPBA-CICPBA-CONICET). Tandil, Buenos Aires, Argentina

jcanton@vet.unicen.edu.ar

Las algas del género *Prototheca* son las únicas plantas que pueden causar enfermedades a los humanos y otros mamíferos, principalmente vacas lecheras, a través de una invasión activa y diseminación en los tejidos del hospedador. En este trabajo se reporta un brote de mastitis provocado por *Prototheca* en un tambo de la Cuenca Mar y Sierras y el posterior estudio del agente en el ambiente. En dicho tambo se detectaba *Prototheca* con baja frecuencia de aislamiento en leche de tanque. Entre noviembre y diciembre del 2020 se diagnosticó *Prototheca* en 14 casos de mastitis clínica. A mediados de diciembre se realizó un muestreo del ambiente del tambo y de materia fecal de 23 vacas para detectar las potenciales fuentes de infección y/o reservorios de *Prototheca* spp. Las muestras se sembraron en medio selectivo para *Prototheca* (*Prototheca isolation medium*, PIM). Se realizó un pre-enriquecimiento en caldo PIM y luego repiques en placas de agar PIM. Se analizó la morfología

de las colonias y del microorganismo mediante coloraciones con azul de metileno. Se observaron colonias y morfologías compatibles con *Prototheca* spp. en 18 de las 23 muestras de materia fecal (78,2 %) y en las muestras tomadas de/l: una de las pezoneras; suelo de la sala de ordeño, un callejón de ingreso, corral de espera, corral de salida del tambo; desagüe del tambo, pozo del desagüe, un bebedero y agua de la laguna. Se confirma la presencia ambiental y en materia fecal de *Prototheca*. En enero se realizó un muestreo de leche (*pool* de cuatro cuartos) de las 240 vacas en ordeño. Se detectaron 5 vacas infectadas. Se instauraron medidas de manejo basadas en la eliminación de las vacas infectadas; la limpieza, desinfección y ascenso de bebederos para evitar el contacto con materia fecal; restricción del acceso a la laguna, lo cual permitió controlar el brote. Se destaca la importancia del muestreo ambiental y de materia fecal para detectar puntos críticos de control que nos permitan instaurar medidas de manejo adecuadas. Se profundizarán los estudios de este patógeno emergente procurando entender la epidemiología y dinámica de infección de la enfermedad.

Palabras clave: *Prototheca*, brote, mastitis, estudio ambiental.

Aislamiento de *Campylobacter fetus* en un rodeo de cría con mermas tacto-parición de la provincia Corrientes (Argentina)

PAOLA DELLA ROSA¹, JUAN MANUEL SALA¹, WALTER LUIS BEVANS¹, VICTORIA MOREL¹, SEBASTIÁN GÓMEZ¹, DANIEL FRANCISCO BENÍTEZ¹ Y SERGIO GASTÓN CASPE¹

¹ Estación Experimental Agropecuaria Mercedes (EEA-INTA Mercedes). Mercedes, Corrientes, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

dellarosa.paola@inta.gob.ar

En Argentina, una de las limitantes de la eficiencia reproductiva de los rodeos de cría bovina está dada por la alta incidencia de enfermedades de la reproducción. Alrededor del 50 % de las pérdidas se deben a enfermedades infecciosas. El objetivo del trabajo fue establecer el motivo de la merma tacto-parición registrada en un establecimiento de cría para carne y evaluar posibles asociaciones estadísticas. El rodeo de 1454 vientres de la raza Braford se encuentra en un campo de terraza media en la localidad de Sauce, Corrientes, Argentina. El servicio es estacionado (noviembre a marzo) con una tasa preñez del 77,4 %. El análisis serológico para *Brucella abortus* (Buffered Plate Antigen, BPA), *Leptospira* spp. (microaglutinación en tubo, MAT) y *Neospora caninum* (inmunofluorescencia indirecta, IFI) fue realizado a 33 toros, 93 hembras preñadas (HP) y 7 hembras diagnosticadas como preñadas que luego resultaron vacías (HA). En toros se realizaron 3 raspados prepuciales con un intervalo de ± 8 días,

para diagnóstico de *Tritrichomona foetus* (cultivo) y *Campylobacter fetus* (inmunofluorescencia directa, IFD). En HA se extrajo mucus cérvicovaginal (MCV) para cultivo microbiológico. El 3 % (1/33) de los toros, el 3 % (3/93) de las HP y ninguna HA, fueron serorreactores a *Leptospira* spp. con títulos de hasta 1/800 no encontrando asociación significativa ($p > 0,05$) con las pérdidas reproductivas. El 51 % (17/33) de toros, el 45 % (42/93) de HP y el 28 % (2/7) de HA ($p > 0,05$) fueron seropositivos a *N. caninum*. No se detectaron serorreactores a *B. abortus*. El 12 % (4/33) de los toros fueron positivos a la IFD para *C. fetus* y en el MCV del 28 % (2/7) de las HA se aisló en pureza *C. fetus*. La falta de fetos para analizar redujo las posibilidades diagnósticas. Si bien otros agentes no contemplados en el presente estudio también podrían estar involucrados en las pérdidas reproductivas, los resultados obtenidos permiten inferir que *C. fetus* sería el principal agente causal responsable de estas pérdidas. Los hallazgos obtenidos son de importancia para la región, ya que indican que la enfermedad está presente, por lo que se requiere de un correcto diagnóstico para evitar subestimar la enfermedad.

Palabras clave: merma, mucus cérvico vaginal, *Campylobacter fetus*, pérdidas reproductivas.

La importancia del análisis microbiológico de agua en la vida universitaria

MILAGROS LÓPEZ HIRIART, MATÍAS APA, MARÍA LAURA RISSO, ERINA PERAZO, JEREMÍAS SÁNCHEZ, CARLOS GURREA, LILIANA BELÀ Y ADA SEGHESSO

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa Fe, Argentina

millylh@hotmail.com

El Centro Universitario Agropecuario Casilda (CUAP) de la Universidad Nacional de Rosario es un predio ubicado en la ciudad de Casilda. Allí funcionan la Facultad de Ciencias Veterinarias y la Escuela Agrotécnica «Libertador General San Martín». Dentro del proyecto de investigación en el año 2019 el objetivo específico fue realizar toma de muestras para ensayos bacteriológicos de diferentes puntos de abastecimiento de agua para consumo humano. Los análisis se realizaron en el Laboratorio de Alimentos y Zoonosis de la facultad y en un laboratorio oficial, para convalidar las técnicas. Se analizaron: recuento de colonias mesófilas aerobias totales en PlateCount Agar, incubación 24-48 h a 37 °C, se efectuó el recuento de las colonias desarrolladas informados en UFC por ml (UFC/mL), se determinó la presencia de coliformes totales utilizando el método de tubos múltiples con caldo Mc Conkey, se incubaron 48 h a 37 °C, en los que en los tubos positivos se observó el cambio de color (ácido) y la formación de gas. También se evaluó la presencia de *Pseudomonas aeruginosa* en un medio Cetrimide agar a 37 °C durante 48 h. Se

utilizaron los métodos normalizados para el análisis de aguas potables y residuales modificados (APHA-AWWA-WEF [USA]). Las muestras fueron: perforación del tanque mayor del CUAP (M1); canilla de cantina (M2); tanque de depósito pabellón Industria (M3); canilla planta piloto (M4); tanque que abastece al Comedor Universitario, al Hospital Escuela de Grandes y Pequeños Animales y a Sala de Necropsia (M5); perforación del Espacio Multidisciplinario para la Inclusión desde el Vínculo Humano Animal (M6); y de una canilla de casa del estudiante (M7). Los resultados se presentan en la siguiente TABLA:

Muestras	Aerobios mesofilos totales (ufc/ml)	Coliformes totales (nmp/100ml)	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
M1	<10	<2	AUSENCIA
M2	<10	<2	AUSENCIA
M3	<10	<2	AUSENCIA
M4	<10	<2	AUSENCIA
M5	>16	<2	AUSENCIA
M6	>16	2.2	PRESENCIA
M7	<10	<2	AUSENCIA

Los resultados obtenidos en nuestro laboratorio están correlacionados con los resultados del laboratorio oficial. Se informó a las autoridades los lugares en los que el agua no era apta para consumo (según parámetros del Código Alimentario Argentino) y ellas decidieron colocar clorinadores y realizar monitoreos continuos.

Palabras clave: agua, análisis microbiológico, consumo humano.

Expresión de la proteína de la cápside del virus de la artritis encefalitis caprina en *Pichia pastoris* para su uso como antígeno diagnóstico

LEANDRO DANIEL PICOTTO¹, NADIA ANALÍA FUENTEALBA^{1,2}, GUILLERMO HERNÁN SGUAZZA¹, DAIANA STEPHANIE BIANCHI¹, MARÍA GABRIELA ECHEVERRÍA^{1,2} Y CARLOS JAVIER PANEI^{1,2}

¹ Laboratorio de Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). Buenos Aires, Argentina

² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

leandropicotto@gmail.com

Los lentivirus de pequeños rumiantes (SRLV), como el virus de Maedi-Visna (MVV) y el virus de la artritis-encefalitis caprina (CAEV), pertenecen a la familia *Retroviridae*. Estos retrovirus producen inflamaciones crónicas y enfermedades multisistémicas de denuncia obligatoria en Argentina. El genoma del CAEV posee genes estructurales denominados *gag*, *pol* y *env*. El gen *gag* codifica para una poliproteína que se cliva en las proteínas de cápside (CA), de nucleocápside (NC) y de matriz (MA). La proteína CA presenta epítopes inmunodominantes que inducen una fuerte respuesta inmunológica y es utilizada en la elaboración de equipos de diagnóstico contra SRLV. Las mutaciones encontradas en estos epítopes son un inconveniente en la detección de la enfermedad, por lo que el desarrollo de equipos diagnósticos utilizando cepas que circulan en una región determinada

es de crucial importancia para un diagnóstico confiable. Debido a que no existen equipos de diagnóstico comerciales elaborados en Argentina, los equipos utilizados son importados y de un alto valor económico. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue expresar la proteína CA del CAEV para su uso como antígeno diagnóstico. Se amplificó, mediante PCR, el gen que codifica para la proteína CA de la cepa CAEV-Arg-Ara y se lo ligó al vector pPIC9. El plásmido obtenido (pPIC9-CA) fue utilizado para transformar *Escherichia coli*. Luego de analizar el clonado mediante PCR, pPIC9-CA fue linealizado con la enzima de restricción Sal I y utilizado para transformar *Pichia pastoris*. Se comprobó la transformación mediante PCR. Se realizaron cultivos de los clones recombinantes obtenidos y, luego de la inducción con metanol durante 96 h, se evaluó la expresión de la proteína CA recombinante mediante SDS-PAGE y *western blot* (utilizando sueros de caprinos naturalmente infectados con el CAEV) observándose una banda del tamaño esperado y determinando que la proteína recombinante obtenida es antigénica. En conclusión, se logró la expresión de la proteína CA recombinante del CAEV y fue reconocida por anticuerpos específicos en el *western blot*. Estudios futuros pondrán foco en el uso diagnóstico de la proteína obtenida con el fin de desarrollar el primer kit de diagnóstico nacional para la detección de SRLV.

Palabras clave: virus de la artritis encefalitis caprina, *Pichia pastoris*, proteína de cápside.

Reporte de brote de clamidiosis aviar en un criadero comercial de psitácidos de la provincia de Buenos Aires

MARÍA BELÉN RICCIO¹, JORGE PABLO GARCÍA¹, JAVIER ANÍBAL ORIGLIA², CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{3,4}, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE³, GERMÁN JOSÉ CANTÓN³, MARCOS NICOLÁS FIOTTO⁵ Y ROBERTO CARLOS BEGUE⁵

¹ Servicio de Diagnóstico Veterinario. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Diagnóstico de Enfermedades de las Aves y Pilíferos, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

³ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Veterinario de actividad privada

briccio@vet.unicen.edu.ar

La clamidiosis aviar (CA), causada por *Chlamydia psittaci*, produce considerables pérdidas económicas y representa un riesgo para la salud pública. Los signos clínicos en las aves, en general son inespecíficos, a veces asintomáticas, liberando el agente intermitentemente. El objetivo del trabajo es presentar un brote de CA ocurrido en un criadero comercial de psitácidas (*Amazona aestiva*). La consulta se realizó en marzo de 2021 debido a la muerte de 6 juveniles y 5 pichones. Anteriormente, en enero, habían muerto 5 juveniles y 60

pichones, a los cuales no se les realizaron estudios diagnósticos. Los animales presentaron apatía, adelgazamiento progresivo, biliverdinuria y muerte. Se realizó necropsia de 4 juveniles y 2 pichones y se fijaron muestras de órganos en formol al 10 % para histopatología. Se obtuvieron muestras de órganos en *pool* e hisopado de sacos aéreos para cultivo bacteriológico en agar tripteína soja con 10 % de sangre, Mc Conkey y *Salmonella*-shigella, micológico en agar Sabouraud y antibiograma; hisopados de buche para detección de *Trichomonas* spp. en agar TYM. A partir del *pool* de órganos y de hisopados multimucosos (conjuntiva, coana y cloaca) de 2 juveniles y 2 pichones vivos, se realizó PCR (qPCR) para *C. psittaci* (*gen ompA*), Polyomavirus y Herpesvirus psitacido (KATOH *et al.*, 2008). Macroscópicamente presentaron quilla prominente, esplenomegalia y hepatomegalia, áreas blancas multifocales en hígado e hidropericardio. En los pichones no se observaron lesiones macroscópicas. Todas las muestras resultaron negativas para *Trichomonas* spp. y agentes fúngicos. A partir de las muestras de órganos parenquimatosos se aisló *Pseudomonas aeruginosa*, *E. coli*, *Klebsiella* spp. y *Salmonella* spp. La qPCR de Polyomavirus y Herpesvirus psitacido resultó negativa y la de *C. psittaci* positiva en todas las muestras. Histológicamente se observan grados variables de hepatitis, esplenitis y aerosaculitis necrotizante linfoplasmocítica o heterofílica. El tratamiento se basó en la administración de oxitetraciclina (300 mg/Kg) cada 12 h durante 45 días en alimento. Los resultados obtenidos permiten inferir que se produjo un brote de clamidiosis siendo el resto de los aislamientos bacterianos coinfecciones. Finalmente, y teniendo en cuenta que es una enfermedad altamente zoonótica, se recomendó extremar las medidas de limpieza y bioseguridad.

Palabras clave: *Chlamydia psittaci*, clamidiosis aviar, *Amazona aestiva*.

Calidad microbiológica del agua abastecida para la producción bovina en el Centro Universitario Agropecuario Casilda

**MATÍAS APA, MILAGROS LÓPEZ HIRIART, FERNANDO
APA, MARÍA CECILIA FAINI, DANTE FRATI, PAULO
CUCCHIARI, MELISA VANESA GAY, ERINA PERAZO Y ADA
SEGHESSO**

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR). Casilda, Santa
Fe, Argentina

apamatias0@gmail.com

El Centro Universitario Agropecuario Casilda (CUAP), de la Universidad Nacional de Rosario, comprende la Facultad de Ciencias Veterinarias y la Escuela Agrotécnica «Libertador General San Martín», en la ciudad de Casilda, y el sector productivo en la localidad de Zavalla. Ambas instituciones poseen módulos y sectores de producción, animal y vegetal, en los que comparten actividades académicas. El sistema de abastecimiento de agua para consumo animal y riego en el CUAP cuenta con perforaciones para abastecimiento propio, una en el tambo de Casilda y otra en el rodeo de cría bovina de Zavalla. Además, el rodeo de cría abreva de un canal natural. El objetivo fue determinar la calidad bacteriológica del agua que beben los bovinos en el CUAP. Entre 2018 y 2019, se realizaron tomas de muestra, una de canilla del tambo y dos en Zavalla, bebedero y canal del rodeo, y se analizaron. Para las determinaciones se utilizaron técnicas de los métodos normalizados para el análisis de

aguas potables y residuales (APHA-AWWA-WEF [EUA]). Se realizaron: recuento de colonias mesófilas aerobias totales en *Plate Count Agar* (PCA) con incubación por 24-48 h a 37 °C; determinación de Número Más Probable (NMP) de coliformes totales utilizando la técnica de diluciones en tubos múltiples con caldo Mc Conkey incubado por 48 h a 37 °C; e identificación de presencia de *Pseudomonas aeruginosa* en un medio cetrimida agar incubado a 37 °C durante 48 h. Los resultados de mesófilas aerobias totales fueron: Tambo= 40 UFC/mL; Bebedero= 68 UFC/mL y Canal= 1480 UFC/mL. La determinación de coliformes totales fue para las tres muestras igual, >8 NMP/100 mL. De igual manera, en las tres muestras se identificó presencia de *Pseudomonas aeruginosa*. Si bien, estos resultados no evidencian un peligro para la salud y productividad de los bovinos, dada su alta tolerancia a estas bacterias, la presencia de estos indicadores muestra que el agua está expuesta a contaminación biológica. En el caso del canal es doble la presencia por contaminación ambiental, pero para las perforaciones este signo es notoriamente negativo. Es recomendable implementar medidas para evitar esta contaminación y ampliar los controles de salud de animales y ambiente.

Palabras clave: agua, microbiología, producción bovina.

Aborto por *Aspergillus* spp. en un rodeo de cría de Tandil

MARÍA DEL CARMEN CATENA¹, MARÍA LAURA CHIAPPARRONE¹, MARÍA CELESTE MORÁN¹, CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{1,2}, MATÍAS CONFALONIERI^{3,4}, JORGE PABLO GARCÍA^{3,5} Y MARÍA BELÉN RICCIO^{5,6}

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Clínica de Grandes Animales, Departamento de Clínica (FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Veterinario de actividad privada

⁵ Servicio de Diagnóstico Veterinario (FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁶ Patología Morfológica y Funcional de Órganos y Sistemas, Departamento de Fisiopatología (FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

mcatena@vet.unicen.edu.ar

Entre las causas de aborto bovino deben considerarse los agentes fúngicos. *Aspergillus fumigatus* es el más frecuentemente aislado mientras que otras especies de *Aspergillus* spp., *Mucor* spp. y *Candida* spp. se diagnostican con menor frecuencia. Los abortos micóticos generalmente se presentan con mayor prevalencia en rodeos lecheros, en forma esporádica en el tercer trimestre de gestación, afectan un bajo número de animales y pueden relacionarse con el consumo de alimentos contaminados. En el presente caso se informa el aislamiento de *Aspergillus* spp. de un feto bovino abortado en un

rodeo de cría de Tandil. En el Servicio de Diagnóstico Veterinario (FCV-UNCPBA) se recibió un feto con su placenta, mucus cérvico vaginal (MCV) y sangre de su madre. El caso se presentó en un rodeo de 600 vacas que recibieron servicio por IATF y repaso con toros, con un porcentaje de preñez del 94 % y sin antecedentes de abortos. La edad gestacional del feto fue estimada en 6 meses y el grado de autólisis avanzado 3 (0-3). La placenta presentó coloración marrón oscura con placentomas amarillos amarronados. En la cabeza y sobre la superficie del cuerpo fetal se observó una pátina blanquecina. A la necropsia se tomaron muestras de placenta, líquido de abomaso y órganos parenquimatosos para aislamiento bacteriológico, micológico e identificación viral y tejidos en formol al 10 % para histopatología. Los resultados del aislamiento bacteriológico y viral, al igual que la serología, fueron negativos en las muestras fetales y de la hembra. En el cultivo de MCV, en medio Sabouraud a 37 °C y 25 °C, se observaron colonias macro y microscópicamente compatibles con *Aspergillus* spp. A la histopatología se observó placentitis necrotizante con hifas fúngicas intralesionales, con tinción PAS positiva. Debido al avanzado grado de autólisis no se observaron lesiones en órganos fetales. Con base en los hallazgos macroscópicos del feto, el aislamiento de *Aspergillus* spp. a partir del MCV, las lesiones histológicas y la presencia de hifas en la placenta, se considera como diagnóstico definitivo: aborto micótico por *Aspergillus* spp.

Palabras clave: bovinos, aborto, *Aspergillus* spp.

Variables de incertidumbre en la práctica diagnóstica

**CECILIA LAURA DI LORENZO, ANA PAOLA MICELI, ANA
BELÉN SCUFFI Y LUCÍA ARGENIO**

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata,
Buenos Aires, Argentina

cdilorenzo57@gmail.com

La incertidumbre es consecuencia de la propia naturaleza de la ciencia médica. Uno de los principios básicos de la medicina es que, a pesar de las múltiples pruebas diagnósticas que se empleen, las decisiones se toman siempre en condiciones de incertidumbre. La incertidumbre en medicina veterinaria deriva entre otras razones de la variabilidad de los individuos, y del papel de las preocupaciones, valores y expectativas de los dueños de los animales, debiendo agregar las fuentes de incertidumbre correspondientes al propio ejercicio de la práctica clínica y la de los estudios complementarios utilizados. El objetivo del trabajo fue identificar posibles fuentes de incertidumbre en la práctica diagnóstica. Como parte del sistema de gestión de calidad, se registraron a lo largo de tres años de trabajo las no conformidades, correspondiente a la toma y envío de muestras. Se presentan las no conformidades en la recepción de muestras focalizadas en las correspondientes a la fase preanalítica en nuestro servicio de diagnóstico. Se ponderaron las no conformidades en 210 remisiones correspondientes al periodo 2017-2019. El 20 % (n=42) de las solicitudes presentaron no conformidades, desglosadas de la siguiente manera: 45 % (19) volumen de muestra escaso/insuficiente, 31 % (13) muestras hemolizadas, 17 % (7) documentación incompleta,

2 % (1) envío de plasma en vez de suero y 2 % (1) muestras deficientemente conservadas, o sangre entera congelada. Adicionalmente, 5 % de las solicitudes de hemocultivos provienen de muestras con tratamientos antibióticos previos. Cabe mencionar que se observa también, en los veterinarios remitentes, falencias para el manejo de los tiempos de intervalos entre muestras. desconociendo o no asociando la vida media del isotipo de inmunoglobulina interviniente, en el proceso de seroconversión en cuestión. Para concluir, de acuerdo al análisis presentado, queda en evidencia la necesidad de implementar acciones de integración concreta de conocimientos adquiridos por los alumnos, a lo largo de su carrera, para fortalecer la búsqueda de la certidumbre en el ámbito de diagnóstico veterinario y el consiguiente uso creciente de recursos complementarios de diagnóstico.

Palabras clave: diagnóstico, incertidumbre, fase preanalítica.

Prueba PCR multiplex para el diagnóstico de la brucelosis canina

ANA PAOLA MICELI, CECILIA LAURA DI LORENZO Y ANA BELÉN SCUFFI

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

cdilorenzo57@gmail.com

La *Brucella canis* tiene como huésped específico al canino, pero este es capaz de infectarse también con *Brucella abortus*, *suis* y *melitensis*. El objetivo del trabajo es el de determinar la utilidad diagnóstica de una prueba de PCR multiplex para la discriminación de la infección en el canino por las diferentes especies del género *Brucella spp.* Se utilizaron cepas de *B canis* RM 6/66, Cepa M menos y 81 cepas bioquímicamente compatibles, aislados de caninos naturalmente infectados y certificadas por el Instituto Malbrán de Argentina, Cepas vacunales de *B abortus* cepa 19, RB51 y *B. melitensis* Rev 1, una cepa de campo de *Brucella suis*, certificada por el Instituto Malbrán. Las cepas se cultivaron en Agar Tripticosa Soya por 48 h, y se realizó la extracción del DNA, utilizando el kit de Fermentas (*Genomic DNA Purifications Kit*). Se continuó con el protocolo publicados por GARCÍA-YOLDI y col. (2006), utilizando los 8 pares de oligonucleótidos publicados. Las bandas correspondientes a las cepas lisas difieren en número y tamaño, *B abortus* cepa 19 amplificó tres bandas principales de: 1682; 794; y 450 pb; *Brucella abortus* RB51: amplificó 3 bandas principales (794, 587 y 450 pb) diferenciándose de la anterior en la presencia de la banda de 587 pb. *B. melitensis* cepa Rev 1 amplificó 5 bandas de 1682,1071,794,587,450). *B suis*, amplificó 5 bandas

(1682,794,587,450 y 280 pb, respectivamente). Las cepas de *B. canis* RM 666, y el resto de las cepas de *B. canis* resultaron con las mismas 5 bandas que amplificara *B. suis*. Los resultados resultan alentadores, por lo que el PCR puede ser una excelente metodología para el diagnóstico directo de la brucelosis canina, de una manera simple y segura, para aquellos laboratorios que no tienen la posibilidad de realizar el examen bacteriológico, permitiendo además la identificación de las biovariedades y la posibilidad de inferir sobre las posibles fuentes de infección y el cuadro epidemiológico de la enfermedad en cada caso. Debiendo resaltar que a partir del trabajo de otros autores y nuestros resultados, la semejanza entre *B. suis* y *B. canis* plantea la necesidad de analizar sus posibles causas.

Palabras clave: brucelosis canina, diagnóstico molecular, género biovariedades.

Evaluación de desempeño de una prueba serológica de enzoinmunoensayo de competición en cabras vacunadas con *Brucella melitensis* Rev-1 en Empedrado, Corrientes

**NOLLY MARÍA MONZÓN¹, MARÍA FABIANA CIPOLINI¹,
DIANA E. MARTÍNEZ¹, ANA GABRIELA ESPASANDIN¹,
ROCÍO SANDOBAL¹, JUAN IGNACIO MELLANO² Y CARLOS
ALEJANDRO ROBLES³**

¹ Cátedra de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE). Corrientes, Argentina

² Profesional independiente. Buenos Aires, Argentina

³ Grupo Sanidad Animal, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (EEA-INTA Bariloche). San Carlos de Bariloche, Río Negro, Argentina

nolly.monzon@comunidad.unne.edu.ar

La brucelosis caprina es una enfermedad infecto-contagiosa crónica, producida por *Brucella melitensis*, que afecta principalmente a ovinos y caprinos. Está demostrado que la vacuna *B. melitensis* Rev-1 otorga buena inmunidad, pero interfiere con la serología generando problemas con el diagnóstico. El objetivo del presente trabajo fue evaluar un ELISA de competición (ELISAc), analizando los títulos de anticuerpos en caprinos vacunados con Rev-1. El ensayo se realizó durante un año, con 58 animales de entre 3 y 6 meses de edad divididos en tres grupos (G): G1 vacunado por vía conjuntival, G2 vacunado por vía subcutánea y G3 testigo. Se administró una dosis de

1×10^9 UFC de la vacuna OCUREV®. Se extrajo sangre los días 0, 7, 14, 21, 28, 35, 42, 49, 56, 63, 75, 90, 120, 150, 180, 210, 240, 270, 300, 330 y 365 posvacunación. Para el ELISAc se utilizó un kit comercial (INGENASA®). Los resultados fueron expresados como Porcentaje de Inhibición (PI) y el punto de corte fue de 40PI. Se comprobó la generación de anticuerpos posvacunación en G1 y G2, mientras que G3 se mantuvo por debajo del punto de corte hasta el final del análisis. En el día 14 se registraron los picos máximos de anticuerpos con 83 PI para G1 y 88 PI para G2. Al día 150 posvacunación los promedios de anticuerpos de ambos grupos vacunados fueron menores a 40PI, a diferencia de lo reportado por otros autores, que indican picos de anticuerpos recién a los 30 días y seronegatividad a los 8 meses posvacunación utilizando ELISAc similares. Las curvas de anticuerpos generadas en ambos grupos vacunados tuvieron comportamiento similar durante todo el ensayo. En las condiciones evaluadas, la técnica de ELISAc se mostró como un diagnóstico efectivo para determinar el estatus sanitario en animales vacunados con Rev-1, pasados los 150 días postvacunación.

Palabras clave: brucelosis, diagnóstico, ELISA, caprinos.

Anaplasmosis bovina en un engorde a corral del sur de la provincia de Córdoba

MATILDE NAHIMÉ MAZZUCCO PANIZZA¹, AGUSTÍN GUERRA², NICOLÁS MOREL¹, MARÍA EVANGELINA PRIMO¹, DAVID LANDO³, JOSÉ GIRAUDO⁴ Y GABRIEL GUSTAVO MAGNANO⁴

¹ Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICaL) (INTA-CONICET). Rafaela, Santa Fe, Argentina

² Médico Veterinario, actividad privada. Río Cuarto, Córdoba, Argentina

³ Laboratorio de Salud Animal. Río Cuarto, Córdoba, Argentina

⁴ Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

mazzuccopanizza.m@inta.gob.ar

La anaplasmosis bovina es una enfermedad anemizante causada por *Anaplasma marginale*, una rickettsia que infecta a los eritrocitos provocando hemólisis. En Argentina su transmisión se asocia a la garrapata *Rhipicephalus microplus*, insectos hematófagos y fómites contaminados con sangre. Se describen dos brotes de anaplasmosis en Alcira Gigena, Córdoba (zona considerada libre de anaplasmosis) en un corral de engorde que acopiaba bovinos de Corrientes, Entre Ríos, Buenos Aires y San Luis. El primer brote ocurrió 45 días luego del arribo de las tropas. Se reportó mortalidad de 5 animales, que presentaron decaimiento, tambaleo, disnea y muerte súbita. Un bovino respondió al tratamiento con oxitetraciclina. A la necropsia se observó ictericia, hepatomegalia, vesícula biliar pletórica y esplenomegalia. La histopatología evidenció lesiones de hipoxia y fagocitosis extravascular en hígado y bazo. La serología para

Leptospira spp. (microaglutinación) resultó negativa. Se detectaron animales positivos a ELISA para *Anaplasma* spp., y positivos a *A. marginale* por PCR (gen *msp5*); sin embargo no se detectó *A. marginale* en extendidos sanguíneos. Los animales muestreados habían recibido tratamiento con oxitetraciclina. Los hallazgos clínico-epidemiológicos, anatomopatológicos y de laboratorio orientaron el diagnóstico fuertemente hacia anaplasmosis bovina. En el segundo brote (un mes después de una jornada de castración) murieron 3 bovinos de Buenos Aires y San Luis, con la misma signología. La serología y la inmunofluorescencia de orina resultaron negativas para *Leptospira* spp. Se observaron formas compatibles con *A. marginale* en el extendido sanguíneo de un animal muerto, lo que confirmó el diagnóstico presuntivo. La introducción de animales de zonas endémicas de anaplasmosis a zonas naturalmente libres de la enfermedad, conlleva riesgo de brotes debido a la transmisión por insectos hematófagos y la utilización no higiénica de elementos cortopunzantes. En estos casos, se recomienda evitar juntar tropas y tomar recaudos higiénicos al realizar vacunaciones, castraciones, etc. Si bien la serología positiva a *Anaplasma* spp. y la detección de ADN de *A. marginale* por PCR indican la presencia de animales portadores, el diagnóstico confirmatorio de un caso clínico debe realizarse mediante observación y recuento de *A. marginale* en extendido sanguíneo de animales con manifestaciones clínicas que no hayan recibido tratamiento.

Palabras clave: *Anaplasma marginale*, enfermedad anemizante, bovinos, feedlot.

Detección de *Mycobacterium bovis* en leche caprina por la reacción en cadena de la polimerasa: evaluación de dos secuencias blanco

**ROSANA VALERIA ROCHA¹, ANALÍA FLORENCIA MACIAS²,
GABRIEL GUSTAVO MAGNANO², ERIKA ELIZABETH
STICOTTI², MAURO N. MACIÓ², MANUEL O. SCHNEIDER²,
CARLOS GARRO³, FABIANA BIGI¹, MARÍA E. EIRIN¹ Y
MARTÍN JOSÉ ZUMÁRRAGA¹**

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

² Departamento de Patología Animal, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). Río Cuarto, Córdoba, Argentina

³ Instituto de Patobiología Veterinaria (INTA-CONICET). Hurlingham, Buenos Aires, Argentina

rocha.rosana@inta.gob.ar

El complejo *Mycobacterium tuberculosis* (CMT) está conformado por distintas especies de micobacterias patógenas que causan tuberculosis en distintos hospedadores. En el ganado caprino la tuberculosis ocurre por *Mycobacterium bovis* (*M. bovis*) y *Mycobacterium caprae* (*M. caprae*), aunque este último no fue descrito en Argentina hasta el momento. La infección por *M. bovis* en cabras es menos frecuente que en el bovino, siendo su prevalencia variable según el año y la región en estudio (0,67-7,3 %). La lucha contra la TB está basada en su detección y control, requiriéndose de técnicas de diagnóstico rápidas, sensibles y específicas. La reacción en

cadena de la polimerasa (PCR) permite identificar la presencia de micobacterias del CMT, como *M. bovis* y *M. caprae*, en distintos tipos de muestras, como la leche. El objetivo de este trabajo fue evaluar dos secuencias blanco para detectar CMT en leche caprina por PCR de punto final. Se estudiaron 24 muestras de leche caprina de animales reaccionantes a la prueba tuberculínica. Esas cabras fueron faenadas, cultivados sus órganos y su leche, y los aislamientos obtenidos fueron tipificados por spoligotyping. Se amplificaron las secuencias IS6110 y Rv2807 por PCR *Touch-Down*. Once de las 24 muestras (45,8 %) resultaron positivas tanto por PCR-IS6110 como PCR-Rv2807, mientras que las 13 (54,2 %) restantes resultaron negativas. En 8/11 (73 %) de las muestras con PCR positiva, se confirmó la presencia de *M. bovis* por cultivo y spoligotyping (espoligotipo SB0140, el más frecuente de las muestras analizadas de Argentina). Todos los cultivos de leche resultaron negativos. La sensibilidad y especificidad de la PCR frente al cultivo de órganos fueron 42,9 y 88,1 % respectivamente. El proceso de descontaminación de las muestras previo al cultivo puede matar hasta el 90 % de los bacilos presentes, factor crítico en muestras pausibacilares. En este trabajo se demostró la concordancia entre los resultados de la PCR-IS6110 y PCR-Rv2807, siendo ambas adecuadas para la detección de *M. bovis* en leche caprina, constituyendo una estrategia valiosa que podría complementar a las técnicas oficiales de diagnóstico en la vigilancia epidemiológica a nivel de majada.

Palabras clave: caprinos, PCR, IS6110, Rv2807.

Detección de anticuerpos anti-CS31A de *Escherichia coli* en calostro de vacas lecheras en dos establecimientos de Uruguay con y sin vacunación

NICOLÁS GUILLERMO REZZANO TIZZE¹, SCHUBERT FERNÁNDEZ^{1,2}, ÁLVARO GONZÁLEZ REVELLO^{1,3}, PABLO ZUNINO¹ Y ANA UMPIÉRREZ¹

¹ Departamento de Microbiología, Instituto de Investigaciones Biológicas «Clemente Estable» (IIBCE). Montevideo, Uruguay

² Plataforma de Investigación en Salud Animal, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Estación Experimental INIA La Estanzuela. Colonia, Uruguay

³ Unidad Académica de Ciencia y Tecnología de la Leche, Departamento de Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República (UDELAR). Montevideo, Uruguay

guillerezano@hotmail.com

La diarrea neonatal en terneros (DNT) constituye un desafío de las industrias ganaderas mundialmente. En la región, las tasas de mortalidad por DNT pueden superar el 20 % y en Uruguay es una de las enfermedades infecciosas que se asocia a altos porcentajes de morbi-mortalidad. La vacunación en hembras gestantes es una estrategia utilizada para prevenir la DNT. La composición de las vacunas incluye antígenos virales y bacterianos de los principales patógenos, como variantes patogénicas de *Escherichia coli*, rotavirus y coronavirus. Asimismo, el correcto consumo del calostro constituye la principal fuente de anticuerpos en sangre, y es el factor que más incide en la salud y supervivencia del ternero. La adhesión de patógenos a la mucosa intestinal es clave para el proceso infeccioso

en la DNT. La adhesina no fimbrial CS31A es una de las más relevantes en diarreas causadas por *E. coli* y tiene una alta prevalencia en terneros de nuestro país. El objetivo de este trabajo fue determinar el nivel de anticuerpos específicos anti-CS31A en calostro de vacas lecheras sin vacunar y vacunadas contra DNT, en dos tambos de Uruguay. Hasta el momento se procesaron muestras de calostros de 23 vacas holando vacunadas y 7 no vacunadas. Se puso a punto la técnica ELISA-indirecto utilizando una proteína CS31A-recombinante y estableciéndose un punto de corte para las muestras positivas (≥ 63 % de la positividad) de acuerdo a protocolos estandarizados. A su vez, se analizó la composición de los calostros (grasa, proteína, lactosa) utilizando el equipo LactoScan SP. Todos los calostros estudiados presentaron anticuerpos específicos anti-CS31A, aunque con diferentes niveles de respuesta, lo que confirma la circulación de cepas *E. coli*-CS31A+ en nuestro país. De acuerdo al punto de corte, el 52,2 % de los calostros de vacas vacunadas presentaban anticuerpos específicos anti-CS31A, mientras que sólo el 28,6 % de los calostros de vacas no vacunadas fueron positivos. Estos resultados sugieren que la vacunación contra la DNT genera un aumento de anticuerpos específicos anti-CS31A en calostro, pero también se detectan anticuerpos específicos generados naturalmente a partir de cepas de campo circulantes. Se prevé aumentar el número de establecimientos-calostros para confirmar estos resultados.

Palabras clave: transferencia de anticuerpos maternos, calostro, adhesina-CS31A.

Reporte de coinfección por *Enterobacter cloacae* y alfaherpesvirus bovino tipo 1 como causa de muerte perinatal en un rodeo de cría

**MARÍA LAURA CHIAPPARRONE¹, GERMÁN JOSÉ CANTÓN¹,
CLAUDIO SANTIAGO CACCIATO^{1,2}, MARÍA DEL CARMEN
CATENA¹, SANDRA ELIZABETH PÉREZ³, PEDRO E.
MORÁN³, MATÍAS CONFALONIERI^{4,5}, JORGE PABLO
GARCÍA^{4,6} Y MARÍA BELÉN RICCIO^{6,7}**

¹ Laboratorio de Microbiología Clínica y Experimental, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Área de Virología, Departamento de Sanidad Animal y Medicina Preventiva (CIVETAN-FCV-UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Clínica de Grandes Animales, Departamento de Clínica, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Veterinario de actividad privada

⁶ Servicio de Diagnóstico Veterinario, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁷ Patología Morfológica y Funcional de Órganos y Sistemas, Departamento de Fisiopatología Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

mlchiapp@vet.unicen.edu.ar

La onfalitis y la onfaloflebitis son infecciones de presentación habitual en el período peri y neonatal. Los microorganismos aislados con mayor frecuencia son *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*,

Proteus spp., *Pseudomonas* spp. y se asocian con bacteriemias y/o septicemias. En el presente caso se reporta una coinfección por *Enterobacter cloacae* y alfa herpesvirus bovino tipo 1 (BoHV-1). En julio de 2019 (1/7 y 9/7) se recibieron en el Servicio de Diagnóstico Veterinario (FCV-UNCPBA), dos terneros Aberdeen Angus de un día de vida, uno muerto (N1) y otro vivo (N2), que fue eutanasiado por presentar debilidad, incapacidad de incorporarse y movimientos de incoordinación de la cabeza. Las muertes perinatales, que en total sumaron siete, se registraron en tres establecimientos del partido de Tandil. A la necropsia se tomaron muestras de cerebro, bazo y pulmón para aislamiento e identificación viral; muestras de pulmón, bazo e hígado para aislamiento bacteriológico y muestras de tejidos en formol al 10 % para histopatología. El aislamiento y la identificación viral fueron positivos para BoHV de las muestras de bazo, pulmón, cerebro (N1) y del pulmón (N2). Por PCR *multiplex* se detectó BoHV-1 en bazo y pulmón (N1). Se aisló *E. cloacae* de las muestras de pulmón, bazo e hígado (N1), mientras que las muestras del N2 resultaron negativas. A la histopatología se observó onfaloflebitis, dermatitis y celulitis linfoplasmocítica con vasculitis necrotizantes y bacterias intralesionales, degeneración tubular renal y bacterias intralesionales, neumonía intersticial (N1); onfaloflebitis neutrofílica y neumonía intersticial (N2). En base a las lesiones histopatológicas en ambos terneros y el aislamiento bacteriológico de *E. cloacae* en pureza de las muestras (N1), se concluye que la causa de muerte fue bacteriemia secundaria a una onfaloflebitis. La inmunosupresión causada por una infección intrauterina con BoHV-1 podría haber favorecido la multiplicación bacteriana. El aislamiento de *E. cloacae*, ampliamente distribuido en la naturaleza, demuestra que las estructuras umbilicales pueden ser una puerta de entrada de patógenos, por lo cual se debe procurar un riguroso procedimiento de asepsia en el manejo del ombligo del neonato para evitar consecuencias no deseables.

Palabras clave: bovinos, muerte perinatal, *Enterobacter cloacae*, alfa herpesvirus bovino tipo 1.

Infiltración granulomatosa difusa del sistema digestivo compatible con infección por *Mycobacterium* spp. en Schnauzer miniatura

**MARIBEL ANDREA SUÁREZ¹, MARÍA JULIA TRAVERSA²,
ROBERTO FABIÁN GÓMEZ³ Y DENISA PÉREZ GAUDIO^{4,5}**

¹ Estudiante de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

² Laboratorio de Micobacterias. Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

³ Actividad privada. Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁴ Área de Patología, Departamento de Fisiopatología, Centro de Investigación Veterinaria de Tandil (CIVETAN), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA). Tandil, Buenos Aires, Argentina

⁵ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina.

denisa@vet.unicen.edu.ar

Las micobacteriosis son poco frecuentes en los caninos. Sin embargo, los Schnauzer miniatura se vuelven más susceptibles a ellas, ya que pueden ser inmunodeficientes debido a la presencia en homocigosis recesiva del gen CARD9 defectuoso. En estos individuos la infección se caracteriza por infiltración granulomatosa difusa del sistema gastrointestinal, lo que ocasiona vómitos, diarrea, pérdida de peso y linfadenopatía generalizada. El cuadro puede confundirse con enfermedades gastrointestinales neoplásicas, obstructivas, inflamatorias y parasitarias. El diagnóstico definitivo requiere de cultivo prolongado, el cual resulta a veces dificultoso, y de técnicas

moleculares. Aún no existe antibioticoterapia eficaz y su uso se desaconseja dada la dificultad para implementarla sobre la base de pruebas de resistencia. Esto se suma al riesgo zoonótico para las personas inmunodeprimidas. El objetivo de este trabajo es describir un cuadro compatible con micobacteriosis en un Schnauzer miniatura joven desarrollado *a posteriori* de una situación estresante. En la primera consulta el paciente presentó estado de shock debido a traumas severos causados por otros perros. Los propietarios consultaron un año después por vómitos recurrentes. Durante la laparotomía exploratoria se detectó una masa sólida intestinal y masas adheridas al mesenterio. El diagnóstico histopatológico reveló linfadenitis granulomatosa crónica severa con resultado positivo a la tinción de Ziehl Neelsen, específica para bacterias ácido-alcohol resistentes, evidenciando fantasmas intracelulares de estructura bacilar, morfología característica de las micobacterias. Durante los ocho meses posteriores el paciente presentó vómitos, hipertermia y linfadenomegalia. Se realizó ecografía abdominal que evidenció una masa hepática grande. En la necropsia se observó esplenomegalia con nódulos en el parénquima esplénico (FIGURA 1.A) y se corroboró la presencia de la masa hepática detectada por ecografía (FIGURA 1.B).

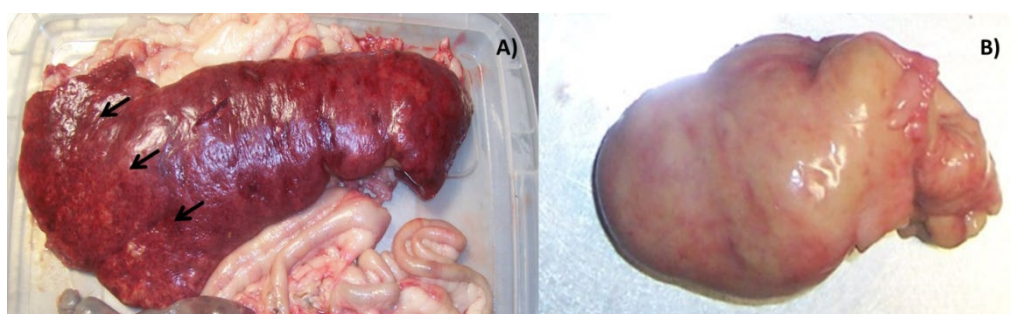


FIGURA 1. Lesiones macroscópicas registradas durante la necropsia. **A.** Nódulos de aspecto granulomatoso en parénquima esplénico (flechas negras). **B.** Masa hepática

Cuando un Schnauzer miniatura joven presente linfadenopatía generalizada y signos gastrointestinales persistentes es importante

incluir la infiltración granulomatosa difusa del sistema digestivo causada por micobacterias en el diagnóstico diferencial. En este caso, este signo puso de manifiesto la sospecha de la inmunodeficiencia hereditaria agravada por el estrés ocasionado por la pelea con pares. De haberse sospechado esta situación durante la primera consulta podría haberse implementado un control clínico preventivo intensivo para evitar la diseminación de la infección.

Palabras clave: micobacteriosis, infiltración granulomatosa difusa, Schnauzer miniatura, inmunosupresión.

Casos de brucelosis canina presentados en la provincia de Pichincha, Ecuador

ELIZABETH MINDA ALUISA¹, JUAN CARLOS NAVARRO²,
SUSANA LISBETH OLMEDO PINCHAO¹, GABRIELA
HERNÁNDEZ MORA³, NAZARETH RUIZ VILLALOBOS⁴,
JORGE RON ROMÁN⁵, WASHINGTON BENÍTEZ ORTIZ¹ Y
MARITZA CELI ERAZO¹

¹ Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis, Universidad Central del Ecuador (CIZ-UCE). Quito, Pichincha, Ecuador

² Facultad de Ciencias Naturales y Ambientales, Universidad Internacional SEK. Quito, Pichincha, Ecuador

³ Servicio Nacional de Salud Animal (SENASA), Ministerio de Agricultura y Ganadería. Heredia, Costa Rica

⁴ Programa de Investigación en Enfermedades Tropicales (PIET), Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional. Heredia, Costa Rica

⁵ Ingeniería Agropecuaria, Universidad de las Fuerzas Armadas (ESPE). Sangolquí, Pichincha, Ecuador

sminda@uce.edu.ec

La brucelosis canina, ampliamente distribuida en el mundo y con reportes de seroprevalencia de entre 6 % a 35 %, es considerada un problema de salud pública. Esta infección es producida por cuatro de las trece especies del género *Brucella*: *B. canis*, *B. abortus*, *B. melitensis* y *B. suis*, dependiendo de la cepa circulante en el área geográfica de estudio. El contagio ocurre principalmente por ingestión, inhalación o contacto con fetos abortados, placenta, secreciones vaginales o semen y también por vía transmamaria y placentaria. La aparición de casos de brucelosis canina marcó el inicio de este estudio con el análisis de la enfermedad mediante

identificación del agente causal en dos escenarios epidemiológicos diferentes. En el primer escenario (2008), se tomaron sueros de 151 caninos de 34 fincas de la provincia de Pichincha (Ecuador), que se analizaron para detección de anticuerpos contra cepas lisas mediante Rosa de Bengala, sero-aglutinación lenta en tubo (SAT-EDTA) y ELISA indirecto. En el segundo escenario (2017 a 2019) y utilizando el *Rapid test kit* (C. Bru Ab Test) para detección de anticuerpos contra cepas rugosas, se analizaron diez sueros de caninos provenientes de clínicas veterinarias de la provincia de Pichincha (Ecuador). Para ambos escenarios se realizó biotipificación y genotipificación. Cuarenta y tres (30.46 %) de los 151 caninos fueron positivos al menos a uno de los tests. De los reactores se seleccionaron cinco para aislamiento de la bacteria en medio Farrell's y se realizó la identificación microbiológica y molecular (IS711 PCR, AMOS PCR y 'HOOF-Print'). Las cepas encontradas fueron *B. abortus* bv. 1 y 4. En el segundo escenario, los diez caninos fueron serológicamente negativos para cepas lisas y positivos para cepas rugosas. Igualmente se realizó cultivo, biotipificación y genotipificación (IS711 PCR, Bruce-ladder, MLVA-NET for Brucella) y se identificó *B. canis*. La brucelosis canina es un problema de salud pública y los perros no sólo se infectan con la cepa circulante en el Ecuador, *B. abortus* bv. 1 y 4, convirtiéndose en foco de la enfermedad, sino que, además, la aparición de *B. canis* pone en evidencia la importancia del estudio epidemiológico del género bacteriano en el país.

Palabras clave: *Brucella canis*, *B. abortus*, caninos, genotipificación, bacteria, aislamiento, AMOS PCR.

Nómina de autores

ABRANTES RA, 72, 306
ACEVEDO DA ROSA AC, 338
AGUIRRE LS, 217
ALARCÓN MORENO AP, 275
ALBARELLOS GA, 121
ALFONSO D, 295
ALMIRÓN JP, 317
ALSINA GARINO L, 289
ALVARADO PINEDO MF, 188
ÁLVAREZ LI, 369
AMASINO AJ, 184
ANDRADE R, 275
ANTHONY LM, 178
APA F, 380
APA M, 373, 380
AQUINO SANI VM, 277
ARGENIO L, 215, 384
ARGIBAY HD, 198, 243
ARGÜELLO AE, 273
ARREGUI ME, 241
ASPITIA CG, 334, 350
AVELLANEDA A, 217
AYALA MA, 317
BADO I, 256
BAGATTIN L, 348
BALCAZAR DE, 206
BAQUERO MI, 261
BARANDIARAN S, 176, 348
BARCOS LO, 49
BARRERA JIMÉNEZ I, 270, 287
BARRIOS TABAKIÁN V, 338
BEGUE RC, 378
BELÀ L, 373
BELDOMÉNICO PM, 225
BELLOMO CM, 331
BENÍTEZ AHRENDTS MR, 245, 304
BENÍTEZ DF, 371
BENÍTEZ ORTIZ W, 402
BENTANCOR A, 196
BERGERO LC, 331
BERNÁ L, 188
BEVANS WL, 371
BIANCHI DS, 329, 376
BIGI F, 392
BLANCO CRIVELLI X, 196
BORRÁS PJ, 306, 308, 348
BOTTINI E, 369
BRATANICH AC, 105
BRAVI ME, 336
BREIJO M, 204, 319
BRIHUEGA BF, 137, 241
BUENO DJ, 227, 279
BURGOS EF, 79, 206
CABANA MJ, 245, 304
CABODEVILA J, 301
CACCIATO CS, 212, 266, 268, 350, 355, 378, 382, 396
CAGLIADA MPL, 317
CAGNOLI C, 266, 301
CAIMI K, 198
CALVINHO LF, 313, 343
CAMPRA NA, 194
CAMUSSONE MC, 253
CANAL A, 348
CANTÓN GJ, 180, 266, 268, 350, 353, 355, 369, 378, 396
CAPPUCCIO JA, 334
CARRANZA AI, 164, 182, 297
CARRIQUIRIBORDE M, 317
CASAS N, 117
CASPE SG, 371
CASTRO NN, 325
CASTRO PÉREZ VK, 275, 277
CATENA MC, 266, 301, 382, 396
CAVAGLIERI LR, 182, 295, 297, 299, 310
CELI ERAZO M, 402
CERIANI MC, 315
CERIOLO MF, 192, 194
CESARIO M, 247
CEVALLOS ALMEIDA MB, 100
CHÁVEZ CABRERA RG, 275

- CHIANI Y**, 346
CHIAPPARRONE ML, 266, 268, 301, 350, 355, 378, 382, 396
CICOTTELLO J, 253
CIPOLINI MF, 388
CIRONE KM, 202
CISTERNA DM, 115
COELHO RM, 331
COLELLO R, 355
COLINA SE, 325, 329, 334
COLL CÁRDENAS FJ, 184
COLOMBATTI OLIVIERI MA, 188, 283
COMBESSIES GM, 327
CONFALONIERI M, 382, 396
CONIGLIO MV, 299, 310
COPPOLA N, 256, 281
CORDEIRO NF, 256
CORSO A, 162
CORTÉS M, 206
COVIELLO M, 367
CRISTOFOLINI AL, 295
CROSIGNANI OUTEDA N, 289
CRUZ BEDÓN SPM, 261
CUCCHIARI P, 380
CUERDA MX, 188
CUESTAS ML, 301
D'URSO VILLAR MA, 210
D'AGOSTO LAICOVSKI ST, 281
DANERI D, 190
DE BRUN MÉNDEZ ML, 321, 338, 365
DE FELICE LA, 336
DE LA CUESTA RB, 196
DE LA TORRE FC, 182
DEL SOLE MJ, 212, 268
DELGADO SG, 323
DELLA ROSA P, 180, 371
DI LORENZO CL, 215, 237, 384, 386
DI LULLO D, 336
DI NUCCI D, 243
DIANA L, 251, 285, 289, 361
DÍAZ LA, 74
DÍAZ ML, 208
DIB FERREIRA GREMIÃO I, 82
DOLCINI GL, 152, 315
DUQUE SUÁREZ VM, 261
DUS SANTOS MJ, 313
EBERHART MAT, 225
ECHEVERRÍA MG, 325, 334, 376
EIRIN ME, 392
ELIOPULOS N, 289
ERRECALDE J, 107
ESPASANDIN AG, 388
ETCHECOPAZ AN, 301
ETCHEVERRÍA AI, 239
FAINI MC, 380
FAVARO P, 313, 363
FENATI LS, 301
FERNÁNDEZ BLANCO M, 184
FERNÁNDEZ C, 299
FERNÁNDEZ D, 239
FERNÁNDEZ JARAMILLO H, 76
FERNÁNDEZ LA, 208
FERNÁNDEZ S, 394
FERRARI WAO, 206
FERRARIS S, 308
FIGINI I, 243
FIorentino MA, 180, 217, 234, 239, 353
Fiorimanti M, 295
FIOTTO MN, 378
FLORES FS, 220
FLORES QUINTANA C, 247
FOCHESATO A, 182, 295, 297, 299, 310
FOGEL FA, 212
FONSECA MI, 245, 304
FONTES F, 319
FONTES GARRÉ MF, 204
FRANCO MORENO GV, 251, 338, 340
FRANCOIS SE, 178
FRATI D, 380
FRIZZO, 225
FRIZZO LS, 225
FRUTOS S, 192
FUENTEALBA NA, 102, 329, 336, 376
FUNES E, 176
GAGETTI P, 155
GALARCE N, 160
GALEANO C, 237

- GALETTO LD, 334
 GALLAND PINARD M, 266
 GALLI L, 227, 258
 GALLO CALDERÓN M, 334
 GARCÍA FULGUEIRAS V, 281
 GARCÍA JP, 239, 350, 355, 378, 382, 396
 GARGIULO LB, 301
 GARRO C, 392
 GAY MV, 380
 GIACOBONI GI, 190, 261, 264
 GIRAUDO J, 390
 GISBERT MA, 119
 GIULIANI MG, 206
 GÓMEZ CHÁVEZ J, 249
 GÓMEZ MF, 258
 GÓMEZ RF, 399
 GÓMEZ S, 371
 GÓMEZ VILLAFañE IE, 79
 GONZÁLEZ ALTAMIRANDA EA, 327
 GONZÁLEZ PASAYO RA, 239
 GONZÁLEZ REVELLO A, 394
 GUERRA A, 390
 GUILLEMI EC, 243
 GURREA C, 373
 HECKER YP, 180
 HERNÁNDEZ MORA G, 402
 HOFFMANN TM, 279
 HUBERMAN YD, 291
 IACHINI R, 306, 308
 IBAR MP, 232
 IBARRA CAMOU B, 133
 JACOB P, 346
 JARA LM, 275, 277
 JUÁREZ RAMÍREZ M, 249
 KEILTY H, 222
 KOVAL AA, 140, 169
 LABORDE JM, 96, 317
 LADERA GÓMEZ ME, 315
 LAMATTINA D, 206
 LANCASTER E, 285
 LANDO D, 390
 LANDOLT N, 346
 LAPORTE GM, 184
 LARESCHI M, 206
 LEUNDA MR, 327
 LINCOPAN N, 158
 LIRÓN JP, 369
 LLADA IM, 327
 LOBO JI, 353
 LOMÓNACO J, 291
 LONDERO A, 227
 LÓPEZ HIRIART M, 367, 373, 380
 LOUGE URIARTE EL, 239, 323, 327
 LOVERA MJ, 200
 MACHADO MAFFIOTTO NF, 251
 MACIAS AF, 392
 MACÍO MN, 392
 MAGNANO GG, 390, 392
 MAGNOLI AP, 182, 297, 299, 310
 MALDONADO I, 308
 MALDONADO NC, 210
 MALENA RC, 291
 MANRIQUE VALENTÍN MC, 277
 MANZOLI DE, 225
 MARCELLINO RB, 229
 MARFIL MJ, 176, 348
 MARINI MR, 348
 MARIÑO B, 346, 363
 MARTÍNEZ CHAVARRÍA LC, 249
 MARTÍNEZ D, 388
 MARTÍNEZ G, 176
 MARTÍNEZ JARQUIN H, 249
 MARTINEZ MP, 297, 310
 MARTÍNEZ MP, 182, 299
 MARTÍNEZ S, 212, 268
 MARTÍNEZ VIVOT M, 51, 176, 348
 MARTÍNEZ VP, 331
 MAS JA, 273, 283
 MASCHI FA, 317
 MASSELLI RODRIGUES-DEMOLIN D, 98
 MATÉ ML, 212
 MAZZUCCO PANIZZA MN, 220, 390
 MEDINA AA, 299
 MEDINA DM, 217
 MEICHTRY MB, 206
 MELLANO JI, 388
 MÉNDEZ GALARZA S, 247
 MÉNDEZ LA, 202, 217
 MENESES ML, 232, 258
 MENY P, 365

- MERKIS CI**, 295
MESSINA FA, 306
METZ GE, 325, 334
MICELI, 384
MICELI AP, 215, 237, 384, 386
MICHELOUD JF, 217
MIGNAQUI AC, 229
MINATEL L, 306
MINDA ALUISA E, 402
MIRANDA MH, 210
MOLINA RA, 210
MOLINERI AI, 253, 313
MOLIVA MV, 192, 194
MONINA MI, 60
MONZÓN NM, 388
MORAN MC, 301
MORÁN MC, 382
MORÁN PE, 396
MORÉ GA, 336
MOREDO FA, 190, 258, 264
MOREIRA C, 285
MOREIRA J, 283
MOREL N, 390
MOREL V, 371
MORRELL EL, 353
MORSELLA CG, 202, 217, 266
NADER MACÍAS MEF, 210
NAGEL AG, 198
NAVA S, 220
NAVARRO JC, 402
NAVARRO LALUZ MF, 251
NEDER VE, 253, 343
NIETO FARIAS MV, 315
NIEVAS H, 264
NIEVAS PA, 291
NIEVAS VF, 232, 264
NOGUEIRAS JP, 325
NOSEDA R, 46
NUSBLAT L, 130
OBANDO YUCRA CA, 275
OCCHI HLJ, 313
ODEÓN AC, 327
ODRIOZOLA ER, 327
OLEA GB, 247
OLIVERA DF, 184
OLIVERO CR, 225
OLMEDO PINCHAO SL, 402
ORIGLIA JA, 190, 378
OROZCO MM, 198, 243
ORTIZ MARTÍNEZ ME, 299, 310
PADOLA NL, 239, 355
PALMA L, 192
PANEI CJ, 329, 336, 376
PANTOZZI FL, 232
PAOLICCHI FA, 202, 217, 234, 266
PARADA J, 182, 297, 310
PECH MAY AR, 206
PECORA A, 313
PECORARO MRI, 336
PENA IC, 184
PERAZO E, 373, 380
PERCARA A, 225
PEREA CANTERO RA, 270, 287
PEREYRA NB, 178
PEREYRA SB, 323, 327
PÉREZ E, 264
PÉREZ GAUDIO D, 399
PÉREZ RAYMONDA L, 367
PÉREZ SE, 323, 396
PICO RODRÍGUEZ JT, 249
PICOTTO LD, 376
PLAZA P, 91
POLI GL, 178
POLONI V, 182, 297, 299, 310
PREVITALI MA, 200, 331
PRIETO MA, 149
PRIMO ME, 390
PUCA G, 301
PUEBLA AF, 172
PUENTES R, 281, 321, 338, 340, 361, 365
QUINTANA S, 358
QUIROGA MA, 350
REGONAT M, 273
REINOSO EB, 192, 194
REJF PK, 363
REYNALDI FJ, 208
REYNOSO PAZ A, 275
REZZANO TIZZE NG, 394
RICARDO T, 200, 331
RICCIO MB, 239, 350, 355, 378, 382, 396

- RIERA L**, 127
RINALDI OAA, 112
RISSE ML, 367, 373
RIVERO FD, 336
ROBLES CA, 388
ROCHA RV, 392
ROCHA S, 204, 319
RODRÍGUEZ MA, 208
RODRÍGUEZ MC, 334
ROGÉ A, 190
ROMANO MI, 188
ROMEO F, 323
RON ROMÁN J, 402
RUIZ LE, 110
RUIZ VILLALOBOS N, 402
RUMI MV, 69, 273
RUPPEL FUNES FS, 321
SALA JM, 371
SALAZAR VS, 217
SALINA M, 336
SALOMÓN OD, 206
SALUZZO MA, 225
SAMARTINO LE, 241
SAMUS SA, 54
SÁNCHEZ BRUNI S, 212, 234
SÁNCHEZ J, 367, 373
SANDBAL R, 388
SANDBAL GV, 217
SANIN M, 196
SANTANGELO MP, 188
SANTISO G, 306
SANTOS M, 204, 319
SANZ M, 239
SARRADEL JE, 348
SCARPA MA, 124
SCHELOTTO F, 365
SCHMELING MF, 346
SCHNEIDER MO, 392
SCIABARRASI A, 346, 363
SCIALFA EA, 143, 358
SCUFFI AB, 215, 237, 384, 386
SEBASTIAN PS, 220
SEGHESSE A, 367, 373, 380
SERENA MS, 88, 325, 334
SGUAZZA GH, 376
SIGNORELLI NUÑEZ G, 198
SIGNORINI ML, 253
SILVA H, 237
SKURAS V, 365
SMITH V, 283
SMULOVITZ FERRERO A, 343
SORIA MA, 227, 279
SOSA PS, 186
SOTA PE, 184
SOTO P, 266, 358
SPADARO MV, 348
SPEICHER MUJICA CLEMENS ME, 196
SPETTER LUCAS MJ, 327
SPOSITO F, 237
SREDNIK ME, 283
STAZIONATI MF, 222
STICOTTI EE, 353, 392
SUÁREZ ALVAREZ R, 93
SUÁREZ ARCHILLA G, 253
SUÁREZ MA, 399
TAMIOZZO P, 353
TARRAGONA E, 220
TASSARA F, 237
TAVERNA CG, 146
TEJERINA MR, 245, 304
TIERI S, 202
TORRE FC, 310
TORRES A, 237
TORRES C, 135
TORRES TAJES E, 361
TRAVERÍA GE, 66
TRAVERSA MJ, 399
TRENCHI MOREIRA G, 256
UMPIÉRREZ A, 394
UNZAGA JM, 336
URDAPILLETA M, 206
URTIZBIRÍA F, 353
UZAL F, 167
VARELA E, 190
VASINI ROSELL B, 217
VASQUEZ PINOCHET SL, 196
VÁTER AA, 315
VÉLEZ MV, 355
VÉLEZ PINEDA EA, 261
VERNA A, 323, 327
VIALE MN, 57

VIDAL CURTINELLA I, 281

VIDELA YP, 358

VIDOSA PA, 220

VIGNOLI R, 256, 281

VIGNOLO GM, 210

VILLAT MC, 237

VINUEZA BURGOS CV, 261

VITULICH CA, 343

WATSON S, 310

WELSCHEN N, 253

YAAFAR N, 348

YANIZ MG, 234

YOROJO MORENO V, 325

ZBRUN MV, 225, 253

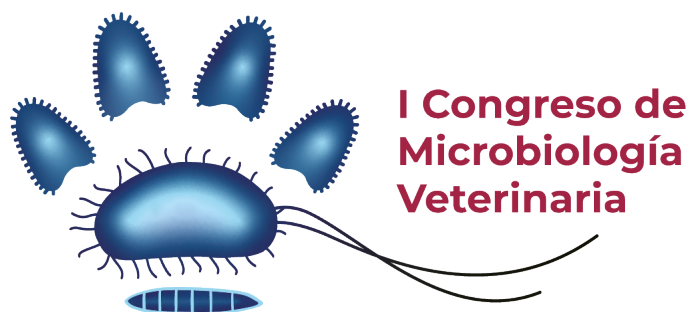
ZIELINSKI GC, 63

ZUBALDÍA M, 308

ZUMÁRRAGA, 392

ZUMÁRRAGA MJ, 85, 392

ZUNINO P, 256, 394



Esta obra se terminó de componer en julio de 2021. Para su confección se utilizó la fuente tipográfica **Montserrat** en sus diversas variantes.