

ESTUDIO DE LA PREVALENCIA, DISTRIBUCIÓN Y VARIANTES REGIONALES DE *TRYPANOSOMA EVANSI* EN URUGUAY

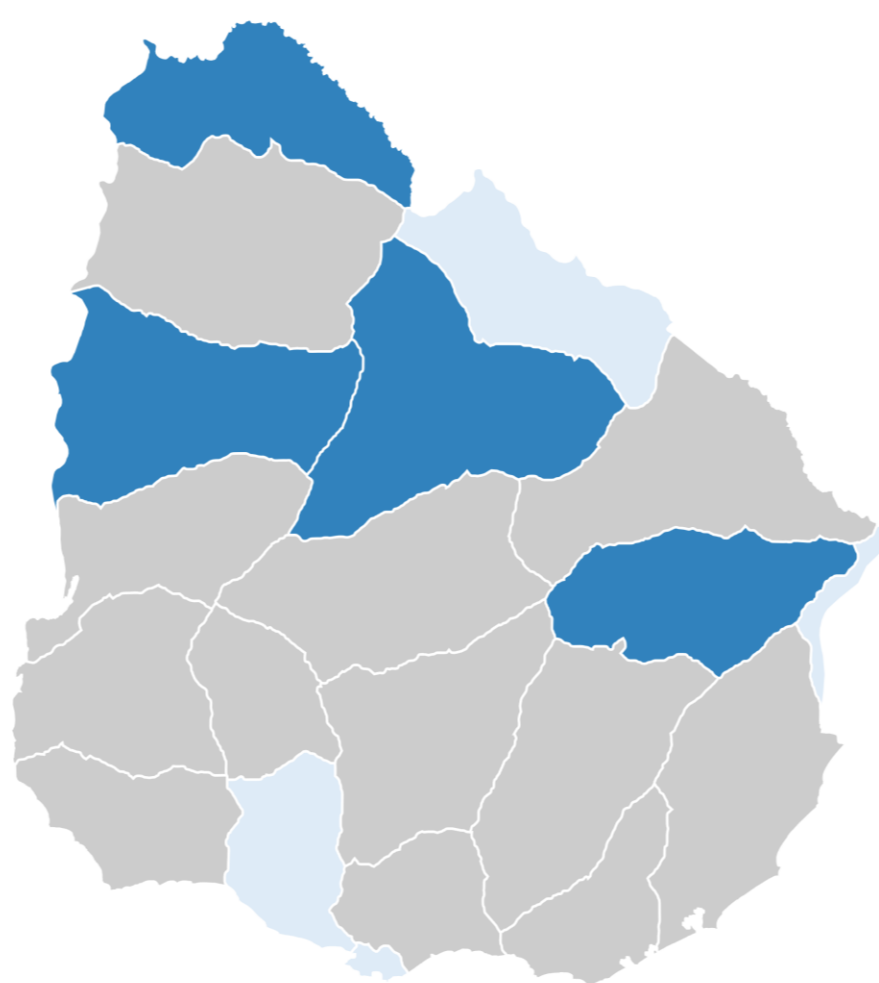


Simón, MX.¹, Cabrera, A.^{1,2}, Castro, G³., Cravino, A.⁴, Mirazo, S.^{3,5} y Greif, G.¹

1 Laboratorio de Interacciones Hospedero-Patógeno, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay. 2 Unidad Académica de Parasitología y Micología, Facultad de Medicina, Udelar, Uruguay. 3 Grupo proJAB Udelar, Uruguay. 4 Instituto de Ecología y Ciencias Ambientales, Facultad de Ciencias, Udelar, Uruguay. 5 Laboratorio de Ecología Viral y Virus Zoonóticos. Unidad Académica Bacteriología y Virología., Instituto de Higiene, Udelar, Uruguay. **Contacto:** xsimon@pasteur.edu.uy

Trypanosoma evansi provoca la enfermedad *Surra* que afecta a animales domésticos y silvestres, y es transmitido por insectos hematófagos. Tiene una distribución global, abarcando África, Asia y Sudamérica. En Uruguay hay muy poca información sobre la presencia y distribución de la enfermedad. Hasta el momento, se ha detectado mediante serología en caballos y se ha identificado el parásito en perros, de los que se ha obtenido un único aislado en 2016. El objetivo del trabajo es relevar la distribución del parásito en el país y desarrollar tests diagnósticos para ser aplicados principalmente en caballos.

Total de animales positivos por departamento



Artigas: 3 jabalíes y 2 perros
Rivera: 1 caballo
Paysandú: 3 ciervos
Treinta y tres: 4 caballos
Montevideo: 1 caballo
San José: 1 perro
Tacuarembó: 3 caballos

Ensayos serológicos

Se relevó la presencia del parásito en caballos y animales silvestres de distintas partes del país, mediante ensayos serológicos, para conocer la prevalencia y distribución geográfica. Se utiliza la técnica de referencia CATT/T. *evansi* y un ELISA utilizando un extracto del parásito aislado de una cepa circulante en la región. En un primer estudio encontramos:

Secuenciación

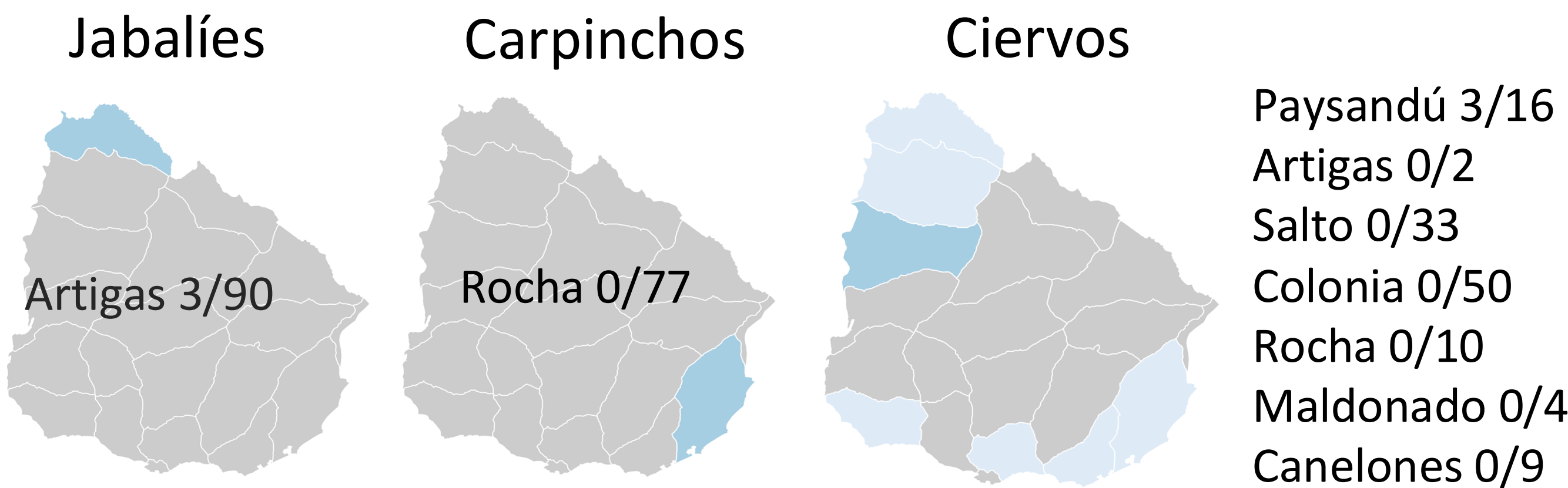
Por otra parte, se realizó la secuenciación del genoma del aislado local con la tecnología de Nanopore y está en proceso la realización de transcriptomas en 3 picos de parasitemia con el objetivo de encontrar antígenos invariantes que puedan ser utilizados en la mejora en el diagnóstico serológico.

Especie	Positivos	Negativos	Total
Caballo (<i>Equus ferus</i>)	15	201	216
Jabalí (<i>Sus scrofa</i>)	3	87	90
Ciervo (<i>Axis axis</i>)	4	120	124
Carpincho (<i>Hydrochoerus hydrochaeris</i>)	0	77	77

Conclusiones y perspectivas

Se detectó serología positiva en animales silvestres, sobre todo en el norte del país, que pueden estar actuando como reservorio del parásito. También se encontró en caballos y perros. Se realizará una validación más exhaustiva del ensayo de ELISA y el desarrollo de un ensayo utilizando los antígenos recombinantes que hayan sido seleccionados en base al transcriptoma del aislado local. Se continuará con la búsqueda de nuevos aislados con el fin de estudiar las cepas circulantes y mejorar los preparados antigénicos.

Distribución por departamento da las muestras de animales silvestres (positivos/total)



Creado con: mapinseconds.com

Financiación: ANII, Fondo María Viñas, FMV_1_2023_1_176013.
Con apoyo de: Posgrado en Biotecnología, Facultad de Ciencias, Udelar, Sistema Nacional de Investigadores, Programa de Desarrollo de Ciencias Básicas.
Instituciones participantes:

