

# DetECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE *Cryptosporidium* spp. EN TERNEROS DE LECHERÍA DE LA PROVINCIA DE VALDIVIA, CHILE

Javier Painean P<sup>1,2</sup>, Eduardo Raffo C<sup>3</sup>, Sebastián Peña F<sup>4</sup>, Rubén Mercado<sup>4</sup>, Pamela Muñoz A<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Patología Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

<sup>2</sup>Unidad Docente de Parasitología Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Austral, Valdivia, Chile

<sup>3</sup>Recursos Naturales Renovables, Servicio Agrícola y Ganadero.

<sup>4</sup>Unidad Docente de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

## Introducción

*Cryptosporidium* spp. es un parásito protozoario capaz de infectar a diversas especies animales siendo de importancia en sistemas de crianza de terneros de lechería, reconociéndose como una de las causas más frecuentes de diarrea neonatal en terneros predestete. El periodo más susceptible son las primeras cuatro semanas de vida lo que coincide con la mayor excreción de formas infectantes, transmitiéndose a otros animales e incluso a humanos. La presente investigación tiene como objetivo, caracterizar molecularmente la especie y los subtipo de *Cryptosporidium* spp. presentes en terneros de rebaños lecheros de la provincia de Valdivia.

## Materiales y Métodos

- 275 muestras de heces de terneros de 15 predios lecheros de la provincia de Valdivia, fueron sometido a Ziehl-Neelsen (ZN).
- Los resultados positivos se sometieron a PCR con genes "target" SSU 18S rARN y GP60, con posterior secuenciación y análisis filogenético.

N° correlativo	Comuna	Especie/genotipo según SSU 18S rARN	Familia alélica según GP60	Trinucleótidos de Serina	Subtipo
1	Mariquina	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 15 TCG= 2 ACATCA= 1	IIa A15G2R1
2	Máfil	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 15 TCG= 2 ACATCA= 1	IIa A15G2R1
3	Máfil	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 14 TCG= 1 ACATCA= 1	IIa A14G1R1
4	Máfil	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 15 TCG= 2 ACATCA= 1	IIa A15G2R1
5	Máfil	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 14 TCG= 1 ACATCA= 1	IIa A14G1R1
6	Los Lagos	<i>C. parvum</i>	IIa	TCA= 17 TCG= 2 ACATCA= 1	IIa A17G2R1

Table 1. Resultados secuenciación y subtipificación de aislados

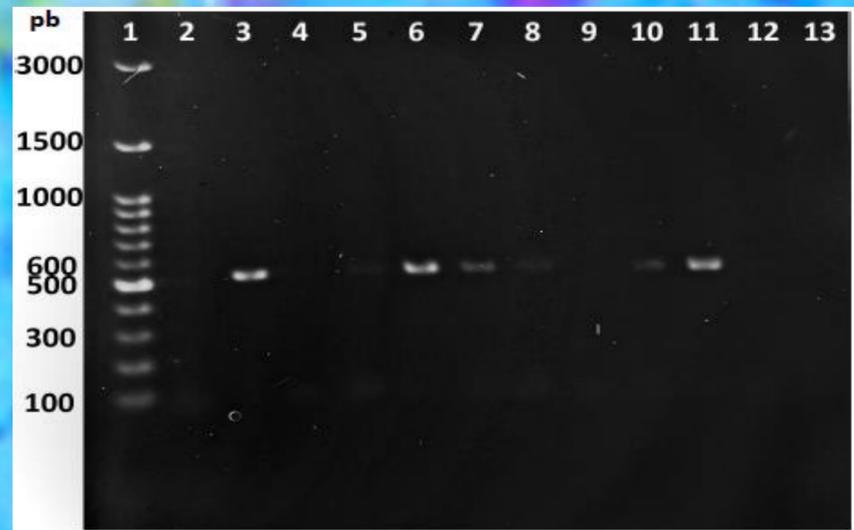


Figura 1. Electroforesis en gel de agarosa 2% ronda de PCR SSU 18S rARN.

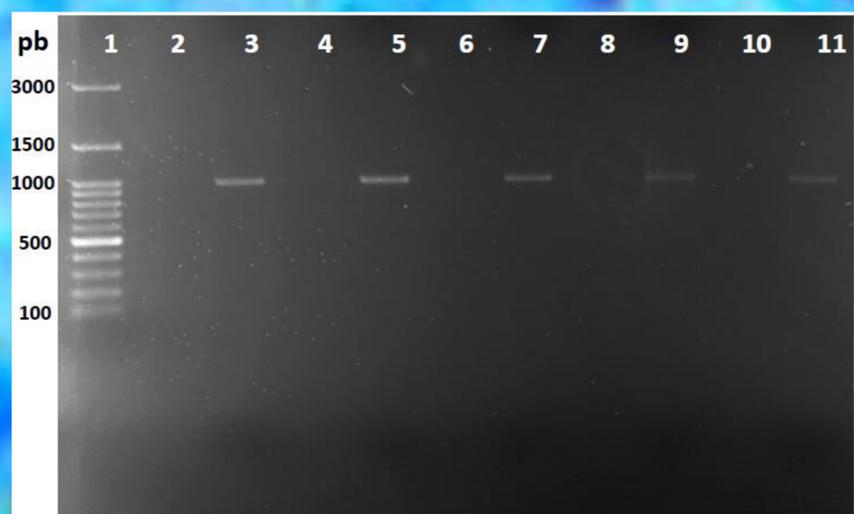


Figura 2. Electroforesis en gel de agarosa 2% ronda de PCR GP60.

## Resultados y Discusión

- 30 muestras sometidas a ZN, resultaron positivas y el 46,6% (14/30) fue confirmado mediante la amplificación del gen SSU 18S rARN (Figura 1). De éstas, el 42,8% (6/14) fueron positivas a la PCR para el segmento del gen GP60 (Figura 2). Los resultados de la secuenciación están expresados en la Tabla 1.
- *Cryptosporidium parvum* subtipo IIaA15G2R1 fue el más frecuente (3/6), al igual que estudios nacionales e internacionales, siendo este subtipo el predominante en terneros de sistemas productivos a nivel mundial.
- *C. parvum* subtipo IIaA14G1R1 (2/6) ha sido aislado sólo en una oportunidad en terneros de Suecia, en yaks (*Bos grunniens*) de China y en un aislado humano de Eslovenia. Por lo tanto, el presente hallazgo es el primero en bovinos de América.
- *C. parvum* subtipo IIaA17G2R1 (1/6), ha sido reportado afectando a rebaños neonatales esporádicamente, lo que probablemente coincide con lo encontrado en la presente investigación.
- Como conclusión, el hallazgo de estos subtipos establece los diferentes subtipos presentes dentro de la provincia de Valdivia y también marca un precedente ante un posible transmisión zoonótica desde los terneros hacia el personal que los manipula o la población humana que habita en los alrededores de las explotaciones ganaderas dentro de la región.