



POSTERS

## GZ01 - Análisis bacteriológico del intestino delgado de pecaríes (*Pecari tajacu*) criados en cautiverio.

Espinheiro R.F.<sup>1</sup>, Santos C.M.P.<sup>1</sup>, Albuquerque N.I.<sup>2</sup>, Beltrán Y.M.F.<sup>1</sup>, Marinho M.<sup>3</sup>, Dias H.L.T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Pará. <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-Embrapa.

<sup>3</sup>Universidade Estadual de São Paulo-UNESP.

[rfaria87@hotmail.com](mailto:rfaria87@hotmail.com)

**Objetivo:** identificar bacterias Gram-positivas y Gram-negativas presentes en el intestino delgado de los pecaríes (*Pecari tajacu*) mantenidos en cautiverio. **Materiales y métodos:** Fueron analizados 30 animales de ambos sexos, con uno o dos años de edad, mantenidas en bahías experimentales de 2m x 6m en el criadero científico de Embrapa Amazônia Oriental (Belém-PA). La muerte de los animales se llevó a cabo en un matadero de porcino y fue realizada la colecta de 30 fragmentos de intestino delgado, en la porción del duodeno, y en seguida fueron debidamente acondicionados en una cava y transportados al Laboratorio de Tecnología Biomolecular - LTB/UFPA. Las muestras fueron sembradas en Agar Nutritivo enriquecido con sangre de carnero desfibrinada al 5% y agar MacConkey, sometidos a temperatura de 37°C en una incubadora bacteriológica durante 24-48 horas. Simultáneamente, duplicados de las muestras se sumergieron en caldo Selenito durante 24 horas, luego se sembraron en Agar Xilosa Lisina Desoxicolato (XLD) e incubadas en hornos bacteriológicos a 42 °C durante 24-48 horas. Después del crecimiento de las bacterias fueron sometidas a pruebas bioquímicas para la identificación y clasificación. **Resultados y discusión:** Se obtuvieron 54 aislamientos bacterianos, 41 de bacterias Gram-negativas (75,9%) y 13 de bacterias Gram-positivas (24,1%), de intestino delgado. De las 30 muestras analizadas fueron aislados los siguientes agentes bacterianos: *Escherichia coli* (37%), *Citrobacter* sp. (11,2%), *Enterobacter* sp. (7,4%), *Staphylococcus* coagulasa positiva (7,4%), *Klebsiella* sp. (55,5%), *Micrococcus* sp. (55,5%), *Streptococcus* sp. (55,5%), *Proteus* sp. (3,7%), *Providencia* sp. (3,7%), *Staphylococcus* sp. (3,7%), *Serratia* sp. (3,7%), *Corynebacterium* sp. (1,9%), *Edwardsiella* sp. (1,9%) y *Shigella* sp. (1,9%). Bacterias Gram-positivas y Gram-negativas están presentes en el intestino delgado, haciendo parte de la microbiota intestinal de pecaríes criados en cautiverio, destacando *Escherichia coli* que fue la bacteria más frecuente en la flora intestinal de estos animales.



## GZ02 - Aplicación de dos técnicas diagnósticas para la estimación de la frecuencia de *Giardia sp.* en caninos menores de un año en Santiago de Chile.

Castro V.<sup>1</sup>, Eyzaguirre M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146, Santiago.  
[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** *Giardia sp.* es uno de los parásitos más comunes en perros y gatos de todo el mundo. La frecuencia es subestimada en especies menores, debido a la presencia de infecciones subclínicas, la eliminación intermitente de los quistes y la baja sensibilidad de los métodos diagnósticos. Se hace imprescindible la utilización de técnicas de diagnóstico más sensibles, que determinen la real presencia del agente en los animales domésticos. **Objetivos:** 1) Estimar la frecuencia de *Giardia sp.* utilizando el método de Telemann modificado y el método de Burrows en perros menores de un año de edad. 2) Determinar el grado de concordancia entre ambos métodos de diagnóstico. **Materiales y métodos:** Se recolectaron muestras de materia fecal de 158 caninos menores de un año de edad, independiente de la raza y el sexo, provenientes de casas particulares, clínicas veterinarias y criaderos ubicados en Santiago de Chile. Por cada canino se obtuvieron 3 muestras de heces obtenidas día por medio. Las muestras fueron sometidas al método de telemann modificado y al método de Burrows. Los métodos fueron comparados en su eficiencia por el coeficiente de Kappa de Cohen. **Resultados y discusión:** De un total de 158 muestras fecales, el método de Telemann modificado detectó 29 muestras con presencia de quistes de *Giardia sp.*, que corresponde al 18,35%; en cambio el método de Burrows detectó 25 muestras positivas, siendo el 15,82%. El índice de Kappa, entre ambos métodos fue de un 91,1%. **Conclusiones:** El método de Telemann modificado detectó un mayor número de caninos con *Giardia sp.*, respecto del método de Burrows. Los métodos de diagnóstico utilizados presentaron una muy buena concordancia, detectando ambos eficazmente a *Giardia sp.*



## GZ03 - Application of a model to estimate total concentrations of dioxins and DL-PCBs in pork production in Chile.

Valdovinos C.E.<sup>1,2</sup>, Bustos-López C.<sup>3</sup>, Samsing F.<sup>4</sup>, Schoffer J.T.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Tercer Tribunal Ambiental. <sup>2</sup>Instituto de Filosofía y Ciencias de La Complejidad (IFICC), General Lagos 837. Valdivia. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás.

<sup>4</sup>Sustainable Aquaculture Laboratory – Temperate and Tropical (SALTT), Department of Zoology, University of Melbourne. <sup>5</sup>Escuela de Medicina Veterinaria. Universidad Mayor.

[cvaldovinos@gmail.com](mailto:cvaldovinos@gmail.com)

**Objective:** To develop a model in order to estimate the total concentration ( $C_{Total}$ ) of dioxins (PCDD), furans (PCDF) and dioxin-like polychlorinated biphenyls (DL-PCBs) in pork. **Materials and methods:** The model was applied considering the categories of raw materials that make up two reference diets for pig production in Chile. Samples of such raw materials were analyzed to detect PCDD/Fs and DL-PCBs using the EROD-H4IIE bioassay (determination of 7-ethoxyresorufin-O-deethylase activity in the H4IIE rat hepatoma cell line). **Results and discussion:** The results obtained from the bioassay were used to model dietary accumulation, considering different percentages of absorption of these contaminants. In all the cases considered, a decrease in  $C_{Total}$  was observed if the production cycle was extended to 220 days. Risk values were proposed for each category of raw materials that compose the reference diets and these were classified into four levels according to the concentration of PCDD/Fs and DL-PCBs estimated in pork at the time of slaughter. The modeling results for both diets indicate a very high level of risk for vegetable and mineral components of the diet. A high level for vegetable oils and fatty acids of animal origin and a low risk level for animal meals, binders and anti-caking agents, dairy products and premixes.

**Acknowledgements:** The authors would like to thank the Columbia Environmental Research Center (CERC) of the U.S. Geological Survey, in particular Dr. Donald Tillitt, Diane Nicks and Mike Tanner, as well as Dr. Pedro Cattán, Dr. Carla Delporte, Christopher Riley and the Comisión Nacional de Ciencia y Tecnología (CONICYT).



## GZ04 - Arteritis viral equina en burros (*Equus asinus*) asilvestrados de la región de Atacama, Chile.

Moreira R.<sup>1,2</sup>, García A.<sup>1</sup>, Moreno V.<sup>1</sup>, Valencia J.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio Agrícola y Ganadero (SAG).

<sup>2</sup>Universidad Santo Tomás (UST), Ejército 146, Santiago Centro.

[rmoreira@santotomas.cl](mailto:rmoreira@santotomas.cl)

**Objetivo:** Evaluar estatus sanitario de enfermedades exóticas en burros asilvestrados. **Materiales y métodos:** Se realizó en la localidad de Carrizalillo, comuna de Freirina, Región de Atacama, en burros asilvestrados que se encuentran dispersos por los cerros y llanos del desierto, con una población de 3.000 ejemplares, que son reunidos en un arreo tradicional en el mes de octubre de cada año. Los burros encerrados en corrales, fueron seleccionados aleatoriamente, colectándose 312 muestras serológicas. Las muestras fueron procesadas por técnica ELISA y Seroneutralización (SN) en laboratorio SAG Lo Aguirre. **Resultados y discusión:** Los resultados obtenidos indican la presencia de anticuerpos neutralizantes al virus de la Arteritis Viral Equina (vAVE) en 168 burros asilvestrados (53%). De los 312 burros muestreados, 243 eran hembras y 69 machos. De las hembras 151 resultaron positivas (62%). De los machos, 17 resultaron positivos (24,6%) a la técnica de SN, con títulos de anticuerpos anti-VAVE (tabla Nº 1). Las diferencias observadas entre hembras y machos fueron estadísticamente significativas ( $p=0,001$ ). **Conclusión:** Se evidenció infección del virus de la Arteritis Viral Equina en burros asilvestrados en un 53% de las muestras obtenidas, lo que podría indicar algún grado de circulación viral en estas poblaciones animales.



## GZ05 - Caracterización de la familia de genes *eg95* en el genotipo G6 de *Echinococcus granulosus*.

Alvarez C.<sup>1</sup>, Gauci C.<sup>1</sup>, Lightowlers M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Veterinary Science, Park drive and Flemington Road, Victoria, 3052, Australia.  
[alvarezc@unimelb.edu.au](mailto:alvarezc@unimelb.edu.au)

**Objetivos:** 1) Determinar el número de genes que conforman la familia de genes *eg95* en el genotipo G6 de *E. granulosus*. 2) Predecir la secuencia de las proteínas expresadas por estos genes 3) Comparar la antigenicidad de estas proteínas con la vacuna EG95 producida a partir del genotipo G1 del parásito. **Materiales y métodos:** AND fue extraído de protoescoleces obtenidos de camellos infectados naturalmente en Irán. El genotipo del parásito se determinó mediante PCR de un fragmento del gen *cox1*. El ADN fue sometido a tratamiento con enzimas de restricción para su uso en Southern blot. Los fragmentos genéticos conteniendo genes relacionados a *eg95* fueron clonados. Las proteínas expresadas por este genotipo fueron expresadas en *E. coli* y usadas en sándwich –ELISA para la comparación antigénica con la vacuna EG95. **Resultados y discusión:** La familia de genes *eg95* está compuesta por siete miembros. Estos serían capaces de expresar tres distintas proteínas. Las proteínas presentan diferencias en la composición de aminoácidos respecto de la vacuna EG95. **Conclusión:** Los resultados sugieren que la vacuna EG95 no sería capaz de proteger contra la infección por el genotipo G6 de *E. granulosus*.



## GZ07 - Coinfección de virus polyoma aviar y virus de la enfermedad del pico y pluma en una *Psittacula cyanocephala*, primer reporte en Chile.

González-Hein G.<sup>1</sup>, Huaracán B.<sup>1</sup>, González C.<sup>2</sup>; Pizarro S.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Bioingentech. Paseo Bulnes 107 of 57, Santiago. Salas 350 Piso 2, Concepción.

<sup>2</sup> Laboratorio Citovet

<sup>3</sup> Médico Veterinario dedicado a aves exóticas.

[info@bioingentech.com](mailto:info@bioingentech.com)

**Introducción:** Los virus polyoma aviar (APV) y el de la enfermedad del pico y plumas de las psitácidas (PBFDV) frecuentemente afectan a aves psitácidas en cautiverio. **Objetivo:** describir el primer caso fatal de co-infección por APV y PBFDV en una *Psittacula cyanocephala* en cautiverio en Chile. **Materiales y métodos:** Una cotorra ciruela *Psittacula cyanocephala* de 6 semanas de edad de una colección privada murió en Diciembre del 2013 después de presentar depresión, ataxia, tembor de la cabeza, hemorragia subcutánea y retardo en el vaciamiento del buche. Hígado, bazo y riñón del ave se fijaron en formalina al 10% para ser examinados histopatológicamente. Además sangre y órganos se almacenaron a 5°C para posterior análisis virológico por medio de la reacción en cadena de la polimerasa PCR. Se realizó la extracción de DNA de sangre y del pool de órganos usando el protocolo y los reactivos del VetPCR APV Kit de Bioingentech. Se utilizó los reactivos y controles del VetPCR APV Kit y VetPCR PBFDV Kit, Bioingentech para realizar la PCR. Estos dispositivos detectan segmentos génicos específicos que codifican para las proteínas VP1 de APV y Rep de PBFDV. **Resultados y discusión:** El examen histopatológico reveló focos de necrosis en hígado y presencia de cuerpos de inclusión intranucleares en los hepatocitos. Se detectó molecularmente la presencia de APV y de PBFDV en la muestra de sangre y de órganos. Los tamaños de los amplicones fueron de 500 pb para APV, 395 pb para PBFDV y 140 pb para el control interno. La infección dual por APV y PBFDV es descrita por primera vez en el país con una consecuencia fatal para el ave. **Conclusión:** Este hallazgo revela la necesidad de investigar la ocurrencia de estos virus en las aves psitácidas en Chile y de realizar programas de monitoreo en aves exóticas.



## GZ08 - Comparación de dos protocolos de separación magnética para el diagnóstico de la infección por *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP).

Steuer P.<sup>1</sup>, Encina C.<sup>1</sup>, Salgado M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Laboratorio de Paratuberculosis, Edificio Instapanel, Campus Isla Teja, Valdivia.

[miguelsalgado@uach.cl](mailto:miguelsalgado@uach.cl)

**Objetivo:** Comparar dos protocolos de separación magnética péptido mediada-PCR (PMS-PCR) aplicados en muestras de cultivo puro y heces de bovino para el diagnóstico de infección por MAP. **Material y métodos:** Se realizaron diluciones seriadas de cultivo puro de MAP, con las cuales se contaminaron heces de un bovino no infectado. Se consideró una concentración inicial de  $10^8$  UFC/mL. Las células de MAP se concentraron y separaron por PMS. Brevemente, 2 tipos de esferas paramagnéticas (MyOne Tosylactivated y M-450 Tosylactivated Dynabeads) se recubrieron con dos péptidos MAP-específicos, aMp3 y aMptD en una mezcla 50:50. MAP se confirmó por una qPCR IS900. **Resultados y discusión:** En las menores diluciones, tanto para las heces contaminada como para el cultivo puro, no se observó diferencias a nivel de CP, entre los dos tipos de protocolo PMS-PCR. Sin embargo, se observó una mayor sensibilidad analítica de la PCR utilizando las esferas magnéticas MyOne Tosylactivated en comparación con las esferas M-450 Tosylactivated desde la dilución  $10^{-5}$ , la cual alcanzó diferencias de CP por sobre 3 ciclos, lo que representa una diferencia de al menos 1 log de carga bacteriana. El diagnóstico de la infección por MAP es complicado dada su biología de infección. La PMS-PCR mejoraría la sensibilidad y especificidad diagnóstica. El tamaño pequeño y uniforme de las esferas MyOne proveería una mayor área de superficie reactiva a la captura de MAP en comparación con las esferas M-450. **Conclusión:** Dentro de los protocolos de PMS-PCR, utilizar las esferas magnéticas MyOne Tosylactivated permitiría una detección más sensible de los animales infectados.





## GZ09 - Comparación de dos técnicas de diagnóstico para *Giardia sp.* en muestras fecales de felinos menores de 6 meses de edad.

Castro V.<sup>1</sup>, Llanos C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146, Santiago.

[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** *Giardia sp.* es un parásito intestinal frecuente en caninos y felinos, especialmente en los primeros meses de vida. La prevalencia de la parasitosis está subestimada, debido a la dificultad que implica el diagnóstico del agente, por lo que se hace necesario evaluar y comparar técnicas coproparasitológicas tradicionales con inmunocromatográficas comerciales disponibles en el medio nacional. **Objetivos:** 1) Detección de *Giardia sp.* en muestras fecales de felinos menores de 6 meses mediante el método de telemann modificado. 2) Detección de *Giardia sp.* mediante una técnica de inmunoensayo cromatográfico en los felinos estudiados. 3) Comparar la eficacia de las dos técnicas en el diagnóstico de *Giardia sp.* **Materiales y métodos:** Se recolectaron muestras fecales de 30 felinos (por cada felino se obtuvieron 3 muestras tomadas día por medio), provenientes de refugios ubicados en la ciudad de Santiago, a las cuales se les practicó el método de telemann modificado. Se utilizó el Anigen Rapid *Giardia* Ag Test Kit como método de inmunoensayo cromatográfico en los mismos felinos estudiados. Se utilizó el índice kappa de Cohen para evaluar la concordancia entre ambos métodos en el diagnóstico del parásito. **Resultados y discusión:** Del total de muestras analizadas, 23 fueron positivas al método de telemann modificado, correspondiendo al 76,6%. Respecto al inmunoensayo cromatográfico, 10 muestras fueron positivas, correspondiendo al 33,3%. Del total de muestras, 8 fueron positivas por ambos métodos (26,6%). El índice Kappa de Cohen entre ambos métodos, fue de un 32,8%. **Conclusiones:** El método de telemann modificado detectó un mayor número de felinos con *Giardia sp.*, respecto al inmunoensayo cromatográfico. La concordancia obtenida entre ambos métodos fue deficiente. El método de telemann modificado es de elección, en comparación con el inmunoensayo cromatográfico, en el diagnóstico de *Giardia*.



## GZ10 - Comparación de la efectividad de tres métodos coproparasitológicos en el hallazgo de huevos de helmintos en caninos.

Castro V.<sup>1</sup>, Rey J.P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146.

[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** En el estudio de enfermedades que pueden afectar a los animales, es importante de disponer de técnicas de diagnóstico que sean eficientes, capaces de identificar al agente causal y que tengan una relación confiabilidad/costo adecuada. **Objetivos:** 1) Determinar la efectividad de tres métodos coproparasitológicos. 2) Comparar los métodos de Sheather, Willis-Molloy y Teuscher, en relación a la presencia o ausencia de huevos de helmintos y al grado de parasitismo detectable en las muestras. **Materiales y métodos:** Se realizó un muestreo de 87 muestras fecales de caninos. A cada muestra se le realizó el procedimiento cuantitativo de McMaster para determinar el grado de parasitismo y luego cada muestra fue analizada a través de los tres métodos a evaluar. Se analizó el porcentaje de positividad que dio cada método, la capacidad de diagnosticar una muestra como positiva en relación al nivel de parasitismo y por último se realizó un análisis estadístico utilizando el índice de Kappa de Cohen, que mide el grado de concordancia entre los métodos, para determinar si daban como positivo a las mismas muestras. **Resultados y discusión:** El método de Teuscher fue el que presentó un mayor porcentaje de positividad con un 62%, a diferencia de las técnicas de Sheather y Willis-Molloy que presentaron 39% y 48,2% respectivamente. Las tres técnicas diagnosticaron huevos de *Ancylostomideos* (Teuscher: 49 muestras, Sheather 33 muestras, Willis-Molloy: 41 muestras), *Toxocara canis* (Teuscher: 5 muestras, Sheather: 1 muestra, Willis-Molloy: 3 muestras) y *Trichuris vulpis* (Teuscher: 4 muestras, Sheather: 1 muestra, Willis-Molloy: 2 muestras). Sólo Teuscher fue eficiente en el diagnóstico de *Toxascaris leonina* (6 muestras). El índice de Kappa de Cohen entre Teuscher y Sheather fue de 67,11%, entre Teuscher y Willis-Molloy de 74,26% y entre Sheather y Willis-Molloy de 66,43%. **Conclusiones:** La técnica de Teuscher fue más eficiente en el diagnóstico de helmintos, en relación al porcentaje de positividad y en cuanto al número de especies de parásitos detectadas. El grado de concordancia entre los métodos fue clasificado como bueno.



## GZ11 - Tratamiento de la enfermedad de Chagas crónica con Nifurtimox: evaluación cualitativa convencional y la aplicación de una técnica cuantitativa.

Bravo N.<sup>1,2</sup>, Muñoz C.<sup>1</sup>, Venegas C.<sup>1</sup>, Saavedra M.<sup>1</sup>, Martínez G.<sup>1</sup>, Araya E.<sup>1</sup>, Apt W.<sup>1</sup>, Zulantay I.<sup>1</sup>  
[nico.bravo.v@gmail.com](mailto:nico.bravo.v@gmail.com)

<sup>1</sup> Laboratorio de Parasitología Básico Clínico. Programa de Biología Celular y Molecular. Instituto de Ciencias Biomédicas. Facultad de Medicina. Universidad de Chile. <sup>2</sup> Unidad de Epidemiología. Departamento de Medicina Preventiva Animal. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Universidad de Chile.

**Introducción:** Durante los últimos años, los criterios de evaluación de eficacia terapéutica parasitológica de la enfermedad de Chagas crónica (EChc) han mejorado gracias al aumento de la sensibilidad de técnicas convencionales como xenodiagnóstico (XD), a través de la amplificación por PCR. No obstante, estas técnicas cualitativas no informan la carga parasitaria circulante, hecho de importancia en el seguimiento de individuos tratados. La estandarización de PCR tiempo real (qPCR) constituiría un avance significativo en los criterios de evaluación de eficacia de los tratamientos disponibles en nuestro país. **Objetivos:** Estandarizar qPCR para detectar y cuantificar *Trypanosoma cruzi* en individuos con EChc tratados con Nifurtimox (NFX) y comparar los resultados obtenidos con técnicas parasitológicas cualitativas convencionales. **Materiales y métodos:** La estandarización de qPCR se realizó utilizando los oligonucleótidos Cruzi1/Cruzi2, la sonda Cruzi3 e incorporando un qPCR como control interno endógeno dirigido hacia un segmento del cromosoma 12 humano. Posteriormente, se evaluaron 44 individuos tratados con NFX, 22 XD positivos y 22 XD negativos (grupos 1 y 2), en condiciones pre y post-terapia mediante las técnicas cualitativas de PCR-XD, PCR-sangre y qPCR-sangre. **Resultados y discusión:** El rango de detección obtenido fue de 100.000 a 1 parásito-equivalente/mL, representando 6 puntos en la curva estándar de cuantificación (eficiencia= 96,3%). En pre-terapia, el grupo 1 no mostró diferencias significativas entre las técnicas aplicadas. Sin embargo, el grupo 2 evidenció diferencias significativas entre PCR-sangre y qPCR-sangre (concordancia de sólo 59,09%) con parasitemias entre <1 a 27.780 parásitos-equivalente/mL. En post-terapia ambos grupos fueron XD negativo. Sin embargo, qPCR fue complementaria a los resultados obtenidos por PCR, permitiendo observar la disminución de la parasitemia en aquellos casos que se mantuvieron positivos. **Conclusión:** Mediante qPCR fue posible cuantificar la parasitemia baja descrita en la EChc. Además, qPCR permite la detección y cuantificación de la parasitemia no detectada por PCR y XD post-terapia.

**Agradecimientos:** Proyecto FONDECYT 1100768.



## GZ12 - Contaminación ambiental por huevos de helmintos de caninos en espacios públicos de la ciudad de San Javier, Región del Maule.

Castro V.<sup>1</sup>, Ramírez C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Santo Tomás, Av. Carlos Schorr #255, Talca.  
[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** El contacto del humano con las heces de caninos o con el suelo, favorece la transmisión oral-fecal y dérmica de muchos parásitos. Lo anterior, asociado al creciente número de perros domésticos y errantes, sumado al fácil acceso de los animales a las zonas de recreo, aumentaría el riesgo de zoonosis. **Objetivos:** 1) Detectar la presencia de huevos de helmintos de caninos en muestras de suelo en los espacios públicos de San Javier. 2) Determinar la presencia de parásitos en muestras de deposiciones de caninos en espacios públicos de la ciudad. **Materiales y métodos** Se obtuvieron 44 muestras de suelo de las 44 áreas verdes públicas de la ciudad, mediante el método descrito por Sievers et al (2007), en el cual, en el área a muestrear se distribuyen 20 puntos de recolección sobre dos recorridos en “V” contrapuestos. Además se obtuvieron 176 muestras de heces en los lugares públicos. Para el análisis se utilizó el método de sedimentación y flotación en sulfato de zinc al 70%. **Resultados y discusión:** De las 44 muestras de suelo, 37 resultaron positivas a huevos de helmintos, lo que representa un 84%. De las 176 muestras de deposiciones analizadas, 79 resultaron positivas, lo que equivale al 45%. En las muestras de suelo, se detectó la presencia de *Toxocara canis* (41%), *Strongyloides stercoralis* (57%), *Dipylidium caninum* (2%), *Ancylostomideos* (36%) y *Trichuris vulpis* (9%). En las muestras de heces se detectó la presencia de *Toxocara canis* (13%), *Strongyloides stercoralis* (15%), *Dipylidium caninum* (0,5%), *Ancylostomideos* (23%) y *Trichuris vulpis* (7%). **Conclusiones:** Se detectó un alto porcentaje de plazas públicas de la ciudad de San Javier contaminadas con estructuras parasitarias. Existe un potencial zoonótico en las áreas verdes de la ciudad de San Javier.



## GZ13 - *Cryptococcus*: aislamiento ambiental y caracterización bioquímica.

Uchida C.Y.<sup>1</sup>, Araujo-Junior E.C.<sup>1</sup>, Táparo C.V.<sup>1</sup>, Destro M.M.<sup>1</sup>, Marinho M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Soporte, Producción y Sanidad Animal de la Facultad de Medicina Veterinaria de Araçatuba – UNESP.

[mmarinho@fmva.unesp.br](mailto:mmarinho@fmva.unesp.br)

**Introducción:** El género *Cryptococcus* se caracteriza por ser una levadura responsable por infección sistémica, causada por las especies *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii*. El hongo es encontrado en sustratos de origen animal y vegetal, y la infección ocurre a partir de la inhalación de basidiósporos infectantes presentes en el ambiente. **Objetivo:** investigar la existencia de micro-focos de *Cryptococcus sp.* a partir de muestras ambientales de la ciudad de Araçatuba, São Paulo, Brasil, disociando la relación hospedero-Hongo, minimizando los riesgos de contaminación para el hombre y animales, buscando el conocimiento de la eco-epidemiología del microorganismo. **Materiales y métodos:** Fueron colectadas 80 muestras provenientes de huecos y troncos de árboles (*Cassia sp.*, *Ficus sp.* e *Caesalpineia peltophorides*) de dieciséis locales representativos del perímetro urbano, y dirigidos al laboratorio de bacteriología y micología de la facultad de Medicina Veterinaria de Araçatuba-UNESP, donde fueron procesadas e inoculadas en placas de Petri con agar de Niger y Sabouraud dextrosa con cloranfenicol, e incubadas a temperatura de 30°C, por un periodo no inferior a 5 días. Posteriormente fueron sometidas a pruebas bioquímicas: producción de ureasa, termotolerancia a 37°C y quimiotipaje en agar CGB (L-Canavanina, Glicina, Azul de Bromotimol). **Resultados y discusión:** El análisis de los resultados reveló que 21% (9/80) de las muestras fueron positivas para el género *Cryptococcus*, de las cuales 11% (9/80) correspondían a *C. gattii* y 10% (8/80) para *C. neoformans*. Otras levaduras como *Rhodotorula sp.* y *Candida sp.* también fueron aisladas. Las variables se analizaron mediante la prueba exacta de Fisher y la prueba de chi cuadrado, la adopción de un nivel de significación del 5%. Se utilizó el software SAS. Se concluye que los basidiósporos de *Cryptococcus* se encuentran dispersos en la naturaleza constituyendo micro-focos ambientales, no estando vinculado necesariamente a un único hospedero.



## GZ14 - Desarrollo de dispositivos de detección genética de patógenos potencialmente zoonóticos transmitidos por roedores.

González-Hein G.<sup>1</sup>, Huaracán B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bioingentech. Paseo Bulnes 107 of 57, Santiago. Salas 350 Piso 2, Concepción.  
[info@bioingentech.com](mailto:info@bioingentech.com)

**Introducción:** Los roedores son reservorios de patógenos que pueden afectar a los humanos. **Objetivo:** Desarrollar dispositivos que detecten *Leptospira* sp., *Yersinia* spp., *Corynebacterium kutscheri*, *Coxiella burnetii*, *Borrelia burgdorferi* y virus de la hepatitis E de rata. **Materiales y métodos:** Basados en información de secuencias de estas bacterias y del virus hepatitis E, obtenidas desde bases de datos genómicos, se desarrollaron ensayos de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) que detectan ADN de las bacterias anteriormente mencionadas usando cebadores específicos. Se preparó además un ensayo de reacción en cadena de la polimerasa en transcripción reversa (RT-PCR) para detectar el virus de la hepatitis E de rata usando cebadores diseñados para ello. Para la extracción y purificación del material genómico a partir de sangre y órganos de una rata (*post-mortem*) y posterior amplificación de las secuencias blanco se utilizaron los reactivos de los kits VetPCR de Bioingentech. Los controles positivos usados correspondieron a segmentos sintetizados de ADN a partir de secuencias disponibles en bancos de secuencias genómicas y los controles negativos, a las mezclas de reacción para la amplificación más la solución de rehidratación. **Resultados y discusión:** Los controles negativos no amplificaron y todos los controles positivos amplificaron. Los tamaños de los amplicones fueron los esperados (343 pb para *Leptospira* sp, 340 pb para *Coxiella burnetii*, 227 pb para *Corynebacterium kutscheri*, de 324 pb para *Yersinia*, 220 pb para el virus de la hepatitis E de rata y de 140 pb para el control interno). El DNA y el ADN complementario (DNAC) obtenida de rata resultaron negativos a la presencia de estos patógenos y no generaron amplificaciones de material genético inespecíficas con los 6 pares de cebadores diseñados. Estos dispositivos de detección de patógenos pueden constituir una herramienta que permita investigar la propagación y persistencia de estos agentes infecciosos.

**Agradecimiento:** CONICYT.



## GZ15 - Desarrollo de dispositivos diagnósticos genéticos para virus de importancia en hurones (*Mustela putorius furo*).

González-Hein G.<sup>1</sup>, Huaracán B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bioingentech. Paseo Bulnes 107 of 57, Santiago. Salas 350 Piso 2, Concepción.  
[info@bioingentech.com](mailto:info@bioingentech.com)

**Introducción:** Los hurones (*Mustela putorius furo*) son la tercera mascota más frecuente en Estados Unidos y su popularidad es similar en Europa. **Objetivo:** Desarrollar y evaluar de forma preliminar dispositivos de detección genética de patógenos virales en hurones. **Materiales y métodos:** Basados en información de secuencias del virus distemper canino (CDV) y de secuencias de cepas entéricas y sistémicas de coronavirus de hurones obtenidas desde Blast<sup>®</sup>, se diseñaron tres ensayos de reacción en cadena de la polimerasa acoplada a la transcripción reversa (RT-PCR) para detectar los virus CDV, coronavirus entérico de hurón (FRECV) y coronavirus sistémico de hurón (FRSCV) a través del uso de cebadores específicos; los blancos genéticos codifican para la hemaglutinina del CDV y para la glicoproteína S de ambos coronavirus. Se realizó la extracción de ARN a partir de 250 µL sangre de un hurón usando el VetPCR CDV Kit, Bioingentech. Se utilizó para la RT-PCR los reactivos y controles de los nuevos dispositivos VetPCR FRECV Kit, VetPCR FRSCV Kit y VetPCR CDV Kit, Bioingentech. **Resultados y discusión:** Los controles negativos (**agua libre de RNasa, DNasa**) no amplificaron y todos los controles positivos (ADN) de los dispositivos amplificaron. Los tamaños de los amplicones fueron los esperados (302 pb para FRECV, 240 pb para FRSCV, de 524 pb para CDV y de 140 pb para el control interno). Para controlar la etapa en que hebra de ARN es retro-transcripta en ADN complementario (ADNc) se usó una muestra positiva de sangre proveniente de un canino con distemper, la que amplificó correctamente. La muestra proveniente del hurón fue negativa a la presencia de los tres patógenos y su ADNc no generó bandas inespecíficas con los 3 pares de cebadores diseñados. Estos dispositivos pueden ser útiles para la identificación rápida y confirmación de casos de CDV, FRECV y FRSCV en los laboratorios clínicos.

**Agradecimiento:** CONICYT.



## GZ16 - Detección de *Brachyspira pilosicoli* en cerdos de crianza-engorda en Chile.

Rodríguez C.<sup>1</sup>, Retamal P.<sup>1</sup>, Díaz I.<sup>2</sup>, Abalos P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile. <sup>2</sup>Departamento de Fomento de la Producción Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago.

[pabalos@uchile.cl](mailto:pabalos@uchile.cl)

**Introducción:** La espiroquetosis intestinal porcina producida por *Brachyspira pilosicoli* y la disentería porcina producida por *B. hyodysenteriae*, están dentro de las enfermedades que afectan la productividad de la industria porcina, de las que existe sospecha clínica y patológica en Chile. **Objetivos:** implementar un protocolo de detección de estos patógenos y entregar antecedentes de su ocurrencia. **Materiales y métodos** Para la detección de *B. pilosicoli* y *B. hyodysenteriae* en cerdos de crecimiento-engorda se consideraron 9 planteles de tres regiones de Chile, con presentación de diarrea y baja ganancia diaria de peso. Se muestrearon 170 cerdos de entre 30 a 120 kg de peso vivo, con período de resguardo de tratamiento antibiótico de 20 días. Las muestras se tomaron con tórulas y medio de transporte Cary-Blair desde heces frescas o desde el recto, manteniéndolas refrigeradas hasta su procesamiento en el laboratorio, antes de 48 horas de colectadas. El cultivo se realizó en placas Petri con agar tripticosa soya con 5% de sangre ovina estéril, espectinomicina 200 mg/L, vancomicina 50 mg/L, rifampicina 12.5 mg/L y colistina 12.5 mg/L. Las placas previamente reducidas fueron incubadas en anaerobiosis (Gaspak®) por 5 a 7 días a 37°C. Los cultivos sospechosos con desarrollo bacteriano en película y presencia de hemólisis, fueron repicados para obtener cultivos puros y extraer ADN. Se caracterizaron fenotípicamente mediante pruebas de Indol e Hidrólisis del hipurato y genotípicamente por PCR doble para el gen 16S rDNA de *B. pilosicoli* y el gen NADH oxidasa de *B. hyodysenteriae*. **Resultados y discusión** De 56 cultivos sospechosos, se confirmaron 9 (5,3%) positivos a *B. pilosicoli* mediante pruebas bioquímicas y PCR, provenientes de 3 (33,3%) planteles. El amplicon de *B. pilosicoli* fue secuenciado (Genbank N° JX486100), demostrando una identidad completa con secuencias publicadas previamente. **Conclusión** Estos resultados confirman la presencia de *B. pilosicoli* en Chile.





## GZ17 - Detección de *Salmonella* spp en sistemas productivos de traspatios con crianza de aves y cerdos en Chile central.

Alegría-Morán R.<sup>1,2</sup>, Di Pillo F.<sup>1,2</sup>, Bravo N.<sup>1,2</sup>, Lazo A.<sup>1,3</sup>, Hamilton-West C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Chile. <sup>2</sup> Programa Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Universidad de Chile, Chile. <sup>3</sup> Programa de Magister en Ciencias Animales y Veterinarias, Universidad de Chile, Chile.

[christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl](mailto:christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl)

**Objetivos:** Detectar presencia de *Salmonella* spp circulantes en sistemas productivos de traspatio (SPT) que mantienen aves y cerdos en la zona central de Chile. **Materiales y métodos:** i) Se obtuvieron muestras cloacales y rectales (aves y cerdos respectivamente) de un total de 111 SPT provenientes de las regiones V, RM y VI (equivalentes a 600 muestras). ii) El contenido fecal fue inoculado en tubos de ensayos con 5 ml de agua peptonada fosfatada (APT, Difco®) suplementada con 20 mg/ml Novobiocina (Sigma®), incubada a 37° C por 18 a 24 horas. Luego sembrados en agar semisólido modificado Rappaport Vassiliadis (MSRV, Oxoid®) suplementado con novobiocina e incubados por 24 a 48 horas a 42° C. Muestras compatibles con crecimiento y/o difusión fueron sembradas por agotamiento en agar Xylose Lysine Deoxycholate (XLD, Difco®) e incubadas a 37° C por 24 horas. La confirmación de colonias oscuras o traslucidas se realizó mediante la aplicación de pruebas bioquímicas y PCR tradicional para detección del gen invA. **Resultados y discusión:** Se han detectado ocho muestras (1,3%) compatibles con *Salmonella* spp al cultivo bacteriológico, equivalente a siete SPT (6,31%), solo tres han podido ser confirmados mediante PCR convencional. Siendo, a la fecha, Melipilla la provincia con mayor prevalencia muestral del agente en sistemas productivos que mantienen aves o cerdos, asimismo, es la única provincia donde la positividad se observa tanto en aves como en cerdos. **Conclusión:** Existe circulación de *Salmonella* spp en SPT con crianza de aves y cerdos en la zona central de Chile, detectados tanto en aves como en cerdos.

**Agradecimientos:** Proyecto FONDECYT 11121389.



## GZ18 - Detección molecular de *Alphacoronavirus-1* en medicina de pequeños animales: uso diagnóstico.

Soto S.<sup>1</sup>, Navarro C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.  
[canavarr@uchile.cl](mailto:canavarr@uchile.cl)

**Objetivo:** Implementar la detección molecular del gen de la proteína M de *Alphacoronavirus-1* mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa previa Transcripción Reversa (RT-PCR) como un aporte al diagnóstico de este virus en la Medicina de Pequeños Animales. **Materiales y métodos:** Este trabajo se realizó en los laboratorios de Microbiología y Virología del Departamento de Medicina Preventiva Animal, de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad de Chile. Se utilizaron muestras del virus inactivado, presente en la vacuna comercial Duramune Max 5 CVK/4L de Fort Dodge y Vanguard Plus 5L CV. Como control negativo, se utilizaron muestras de ARN de Virus Distemper Canino y como control de reactivos, agua libre de nucleasas. Los partidores para la reacción de PCR fueron diseñados con el programa *online* de libre acceso, OligoPerfect™ Designer de Life Technologies™, para la generación de un amplicón de 245 pares de bases (pb) del gen que codifica para la glicoproteína M. Los partidores sintetizados son: CCV1: 5'-GCCATTGTTTTGGCTCTTAGCT-3' y CCV2: 5'-GCACACCTTCA AGAGGAAGC-3'. La temperatura de alineamiento (60°C) se obtuvo mediante el uso de un termociclador de gradiente de temperaturas. Para visualizar los productos amplificados se utilizó la técnica de electroforesis en gel de agarosa al 2% y posterior incubación en bromuro de etidio. Los geles fueron fotografiados bajo luz UV para su registro. **Resultados y discusión:** Todos los controles positivos (en triplicado) generaron una banda única y nítida entre 200 y 300 pares de bases. No se observaron bandas inespecíficas ni tampoco en los controles negativos. Estos resultados sugieren una pronta implementación para detectar CCoV-1 en muestras sospechosas de infección. La secuenciación posterior de los fragmentos obtenidos permitiría establecer su utilidad diagnóstica en otras especies como el gato. **Conclusión:** Este diseño exitoso de partidores permitió implementar la detección molecular de CCoV-1.

**Agradecimiento:** Al Proyecto AUCAI 2014.



## GZ19 - Detección molecular de bacteriófagos contra *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.

Vera B.<sup>1</sup>, Galarce N.<sup>1</sup>, Borie C.<sup>1</sup>, Navarro C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias,  
Universidad de Chile.

[canavarr@uchile.cl](mailto:canavarr@uchile.cl)

**Objetivo:** Utilizar la técnica de PCR como método alternativo para detectar bacteriófagos específicos para *Salmonella enterica* serovar Enteritidis (S.E.) **Materiales y métodos:** Este trabajo se realizó en el Laboratorio de Microbiología del Departamento de Medicina Preventiva (FAVET), Universidad de Chile. El diseño de partidores para detectar el gen de la DNA polimerasa de fagos específicos contra S.E. contempló el uso del programa *on line* de acceso gratuito *Invitrogen OligoPerfect™*. Se utilizaron cinco fagos denominados fSE7, fSE8, fSE12, 1C y 4S obtenidos en el Instituto de Biología de la Pontificia Universidad Católica de Valparaíso. Como control negativo se utilizará ADN de virus herpes canino y de S.E. Como control de reactivos se usó agua libre de nucleasas. La obtención del DNA de bacteriófagos se realizó mediante la un kit comercial (Genomic DNA Purification kit, Fermentas®) según instrucciones del fabricante. La mezcla de la reacción de PCR utilizó el kit comercial 2X PCR Master Mix y los partidores diseñados para la obtención de un amplicón de alrededor de 245 pb. Para visualizar los productos amplificados se utilizó electroforesis en gel de agarosa al 2% y posterior incubación en bromuro de etidio. Los geles fueron fotografiados bajo luz UV. **Resultados y discusión:** Las cinco muestras en triplicado resultaron positivas al PCR con diseño de partidores, observándose aparición de bandas únicas y nítidas en las muestras analizadas. No se observaron bandas inespecíficas ni tampoco en los controles negativos. La posterior secuenciación de estos fragmentos permitirá conocer el porcentaje de identidad nucleotídica de los fragmentos obtenidos. **Conclusión:** El diseño de partidores resultó exitoso y se sugiere la pronta implementación de este método molecular alternativo.

**Agradecimientos:** Al Proyecto AUCAI 2014.



## GZ20 - Detección molecular de virus distemper canino en lobos de crin (*Chrysocyon brachyurus*) del parque zoológico BuinZoo, Región Metropolitana, Chile.

Abarca M.<sup>1</sup>, Hidalgo E.<sup>2</sup>, Navarro C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Virología, Departamento Medicina Preventiva. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

<sup>2</sup>Departamento de Sanidad Ambiental. BuinZoo.

[canavarr@uchile.cl](mailto:canavarr@uchile.cl)

**Objetivo:** Verificación *post mortem* de la presencia de Virus Distemper Canino (VDC) en muestras de 4 lobos de crin (*Chrysocyon brachyurus*) pertenecientes al Parque Zoológico BuinZoo. Detección molecular. **Materiales y métodos:** Este trabajo se realizó en el laboratorio de Virología, Departamento de Medicina Preventiva (FAVET), Universidad de Chile. Para ello se colectaron muestras de sangre y órganos de cuatro lobos de crin. Se obtuvo el ARN de estas muestras y se realizó la prueba de Reacción en cadena de la polimerasa, previa transcripción reversa, utilizando el kit diagnóstico *One step RT-PCR* de *Invitrogen*®. Se utilizaron individualmente dos pares de partidores que según literatura detectan tanto parte del gen H como parte del gen N del genoma de Virus Distemper Canino (VDC). Como control positivo se utilizaron muestras de ARN previamente positivas, procedentes de perros infectados y de vacunas comerciales. Como control negativo se usó sangre de perros no infectados y como control de reactivos, agua libre de nucleasas. Para visualizar los productos amplificados se utilizó la técnica de electroforesis en gel de agarosa al 2% y posterior incubación en bromuro de etidio. Los geles fueron fotografiados bajo luz UV para su registro. **Resultados y discusión:** Las cuatro muestras (en triplicado) resultaron positivas al RT-PCR tanto para la detección del gen H como para el gen N, se observó aparición de bandas únicas y nítidas tanto en las muestras analizadas como en los controles positivos. No hay bandas inespecíficas ni tampoco en los controles negativos. La posterior secuenciación de estos fragmentos permitirá conocer el linaje a cual pertenece el VDC detectado. **Conclusión:** Existiría infección por VDC en el Parque Zoológico BuinZoo de la Región Metropolitana.

**Agradecimientos:** Se agradece el financiamiento otorgado tanto por el Proyecto FIV 121014019102010 de FAVET como también por la iniciativa denominada Proyecto AUCAI 2014.



## GZ21 - Detección molecular del gen I del virus distemper canino (VDC) como alternativa diagnóstica.

Pincheira D.<sup>1</sup>, Pizarro J.<sup>1</sup>, Navarro C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.  
[canavarr@uchile.cl](mailto:canavarr@uchile.cl)

**Objetivo:** Implementar un protocolo de Reacción en Cadena de la Polimerasa asociado a transcripción reversa que detecte otro de los genes conservados del genoma del VDC, como alternativa diagnóstica. **Materiales y métodos:** Este trabajo se realizó en el laboratorio de Virología del Departamento de Medicina Preventiva de FAVET, Universidad de Chile. Como controles positivos se utilizaron 2 cepas de VDC provenientes de vacunas comerciales (Lederle y Onderstepoort). Como muestras se usaron 10 muestras de RNA viral positivas al gen H de VDC, provenientes de pacientes del Instituto Neurológico Veterinario. Como control negativo se usó RNA extraído de perros sin signología a VDC y negativos a RT-PCR según el gen H. Como control de reactivos se usó agua libre de nucleasas. Los partidores se obtuvieron mediante el programa *online* de acceso libre OligoPerfect™ Designer de Life Technologies™, con la finalidad de obtener un fragmento de DNA de aproximadamente 450 pares de bases, utilizándose el kit diagnóstico One step RT-PCR de Invitrogen. Para visualizar los productos amplificados se utilizó la técnica de electroforesis en gel de agarosa al 2% y posterior incubación en bromuro de etidio. Los geles fueron fotografiados bajo luz UV para su registro. **Resultados y discusión:** Se observó la aparición de bandas únicas y nítidas tanto en las muestras analizadas (positivas al gen H) como en los controles positivos. No se observaron bandas inespecíficas ni tampoco bandas en los controles negativos. Esto último podría sugerir su pronta utilización como herramienta diagnóstica, en conocimiento que la detección del gen H no es 100% efectiva, probablemente debido a que el gen H posee alta variabilidad. **Conclusión:** Los partidores diseñados en este trabajo permitieron corroborar la presencia de CDV en todas las muestras de ARN analizadas según el RT-PCR implementado.

**Agradecimientos:** Al Proyecto FIV 200010018181817171 de FAVET y al Proyecto AUCAI 2014.



## GZ22 - Detección y caracterización de *Leptospira* spp. aisladas de bovinos de lechería con y sin historia consistente con la infección por *Leptospira*.

Salgado M.<sup>1</sup>, Otto B.<sup>1</sup>, Santamaria C.<sup>1</sup>, Encina C.<sup>1</sup>, Sandoval E., Castro D.<sup>1</sup>, Muñoz-Zanzi C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile. Laboratorio de Leptospirosis, Edificio Instapanel, Campus Isla Teja, Valdivia. <sup>2</sup>Division of Epidemiology and Community Health, School of Public Health, University of Minnesota, Minneapolis, Minnesota, USA.

[miguelsalgado@uach.cl](mailto:miguelsalgado@uach.cl)

**Objetivo:** Detectar, identificar y comparar la presencia de la especie y serovar de leptospiras patógenas en individuos con y sin historial clínico reproductivo consistentes con la infección. **Material y métodos:** Se obtuvieron muestras de sangre y orina de 279 bovinos pertenecientes a 4 lecherías. Se realizó la prueba de MAT para determinar el serovar presente en mayor proporción en la población. Los animales con títulos de anticuerpos  $\geq 400$ , sugerente de una infección activa o reciente, fueron seleccionados para realizar confirmación y caracterización molecular. Los cultivos de orina positivos se confirmaron por PCR teniendo como blancos los genes *LipL32* e *IS1500*, finalmente se realizó caracterización molecular, amplificando el gen *secY*, para luego secuenciar su producto y obtener información filogenética a partir de éste. **Resultados y discusión:** Del total de la población, un 70 % presentó serología positiva a uno o más serovares, siendo Hardjo el más frecuente. Una proporción significativa de los animales con títulos  $\geq 400$  presentaron antecedentes clínicos sugerentes con infección por leptospiras patógenas, los que fueron confirmados como *Leptospira interrogans* por resultado positivo a la PCR *IS1500* y la amplificación del gen *secY*, permitió identificarlos como *Leptospira interrogans* serovar Hardjo prajitno, el que se considera al menos 10 veces más virulento que *Leptospira borgpetersenii* serovar Hardjo bovis. **Conclusión:** Se confirma la presencia de *Leptospira interrogans* serovar Hardjo prajitno en una proporción significativa en la población animal en estudio que tenían antecedentes clínicos.



## GZ23 - Determinación del perfil alimentario de *Mepraia spinolai* y *Triatoma infestans* en las regiones de Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana.

Chacón F.<sup>1</sup>, Mendel Y.<sup>1</sup>, Bacigalupo A.<sup>2</sup>, Cattán P.<sup>2</sup>, Ramírez G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Parasitología, Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile. <sup>2</sup>Laboratorio de Ecología, Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

[fachacon@veterinaria.uchile.cl](mailto:fachacon@veterinaria.uchile.cl)

**Introducción:** La epidemiología de la enfermedad de Chagas es fuertemente influenciada por la fuente de alimentación del vector, responsables de la transmisión de *Trypanosoma cruzi*. Para determinar estas fuentes se analizaron 173 muestras de contenido intestinal de *M. spinolai* y *T. infestans*. **Objetivo:** Determinar el perfil alimentario de *M. spinolai* y *T. infestans*, mediante un ensayo de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA) capaz de identificar y discriminar la presencia de Igs de distintas especies animales en las deyecciones de estos insectos. **Materiales y métodos:** Se utilizaron placas de ELISA, las cuales fueron sensibilizadas con 50 µl de contenido intestinal en 950 µL de PBS para cada muestra. Se agregaron anti-sueros de conejo que detectan Igs de distintas especies animales (perro, gato, humano, cabra, ratón, gallina, degú, yaca, lauchón) en diluciones determinadas previamente de 1:40.000 a 1:800.000 dependiendo de la especie animal. Luego, se agregó un anticuerpo secundario de cabra anti-IgG de conejo diluido 1:2.000 y el sustrato ABTS (azino-bis (3-etilbenzotiazolin-6-ácido sulfónico)). Las absorbancias fueron leídas a 405 nm en un lector de ELISA (Bio-Rad). Las reacciones fueron consideradas positivas mediante un valor de corte, correspondiente a +/- dos desviaciones estándar promedio de los controles negativos (0,2 nm en valores de absorbancia). **Resultados y discusión:** Los resultados obtenidos fueron expresados de forma descriptiva en frecuencias del total de deyecciones frente a cada especie animal testada como fuente de alimento, clasificados por especie de triatomino y por región. Así determinamos que la especie animal más consumida en las muestras analizadas corresponde a lauchón orejudo (14/41), seguido por degu (9/41). También se identificaron fuentes de alimentación mixtas. **Conclusiones:** La mayor presencia de lauchón orejudo y degu en la dieta de los triatominos concuerda con lo esperado, estos micromamíferos suelen compartir hábitats preferidos por estos insectos.



## GZ24 - Determinación del reconocimiento de calreticulina de *Trypanosoma cruzi* por subclases de inmunoglobulinas G presentes en camélidos inmunizados de la especie *Lama glama*.

Veloso L.<sup>1</sup>, Maldonado I.<sup>2</sup>, Mora R.<sup>2</sup>, Vallejos G.<sup>2</sup>, Aguilar L.<sup>2</sup>, Abello P.<sup>2</sup>, Ferreira A.<sup>2</sup>, Ramirez G.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Unidad de Parasitología, Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile. Avda. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile<sup>2</sup>Programa Disciplinario de Inmunología, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

[lindavb.18@gmail.com](mailto:lindavb.18@gmail.com)

**Introducción:** Los anticuerpos de camélidos poseen 3 subclases de inmunoglobulina G (IgG), de las cuales 2 carecen de cadena liviana, siendo por su pequeño tamaño, buenos candidatos para ser utilizados como herramientas biotecnológicas. Calreticulina de *Trypanosoma cruzi* (TcCRT) es una proteína multifuncional relacionada con infectividad parasitaria. Su inhibición a través del uso de estos anticuerpos podría ser útil para disminuir la infectividad de este parásito. Llamas fueron inmunizadas para generar anticuerpos contra TcCRT, sin embargo, se desconoce cuáles subclases de IgG reconocen TcCRT en estos sueros. **Objetivo:** Determinar la capacidad de reconocimiento de TcCRT de las tres subclases de IgG presentes en los sueros de llamas inmunizadas con la proteína. **Materiales y métodos:** Se purificaron IgGs por cromatografía de afinidad específicas contra TcCRT en columna de sefarosa-TcCRT activada con bromuro de cianógeno. La matriz fue incubada con los sueros de llama inmunizadas con TcCRT. Los anticuerpos fueron eluidos y la concentración de todas las fracciones fue medida por espectrofotometría. Las IgGs obtenidas, fueron corridas en un SDS-PAGE en condiciones desnaturizantes y no desnaturizantes y teñidas con solución de tinción azul de Coomassie. La medición de la reactividad anti-TcCRT de las IgGs purificadas se realizó mediante un ensayo de Western blot. **Resultados y discusión:** Se obtuvieron bandas de peso molecular correspondientes a IgGs 1 y 2 (170 y 92 kDa, respectivamente). Ambas IgGs reconocen TcCRT. Así, IgG2 podría ser utilizada para la generación de nanoanticuerpos derivados de IgG de llama. Estos nanoanticuerpos corresponden a pequeños fragmentos de 10 kDa que conservan la región de reconocimiento para el antígeno. **Conclusión:** Las subclases de IgG presentes en el suero de llamas inmunizadas con TcCRT reconocen esta proteína, y corresponden a IgG1o IgG convencional e IgG2, que carece de cadena liviana.





## GZ25 - Diagnóstico de la infección por *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (MAP) mediante la determinación de interferón gama (IFN- $\gamma$ ).

Raffo E.<sup>1,2</sup>, Steuer P.<sup>1,2</sup>, Pradenas M.<sup>2</sup>, Monti G.<sup>2</sup>, Salgado M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Doctorado en Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile. <sup>2</sup>Laboratorio de Paratuberculosis, Edificio Instapanel, Campus Isla Teja, Valdivia.

[edoraffo@gmail.com](mailto:edoraffo@gmail.com)

**Objetivos:** Determinar la infección por MAP usando IFN- $\gamma$  con proteínas totales de MAP, proteína recombinante ModD de unión a fibronectina y extracto proteico de *Mycobacterium avium*. **Materiales y métodos:** Se obtuvieron 272 muestras de sangre heparinizada y heces de bovinos provenientes de 12 rebaños. Las muestras de heces fueron cultivadas en el sistema BACTEC-MGIT 960 para la detección de MAP. Los cultivos positivos fueron confirmados molecularmente como MAP por qPCR IS900. Paralelamente, la sangre entera fue desafiada con: PBS, Concanavalina A, PPD bovino, PPD aviar, extracto crudo de MAP y ModD. La sangre se mantuvo por 18 a 24 horas a 37°C y 5% de CO<sub>2</sub>. Luego se extrajo el plasma y se determinó el nivel de IFN- $\gamma$  mediante el kit Bovigam®. Los resultados fueron analizados mediante la creación de curvas ROC modificadas para determinar los mejores criterios de interpretación. **Resultados y discusión:** Del total de animales, 12% fueron confirmados infectados. Los niveles de IFN- $\gamma$  obtenidos fueron interpretados, siendo los mejores resultados los obtenidos con PPD-aviar (sensibilidad entre 55 y 79%; especificidad entre 83 y 59%) y extracto crudo de MAP (Sensibilidad 52% y Especificidad 80%). ModD no demostró utilidad en estos ensayos. **Conclusión:** La determinación de IFN- $\gamma$  no representa una herramienta muy efectiva para el diagnóstico de MAP, una hipótesis sería que ésta infección no logra la sensibilización adecuada de los linfocitos a diferencia de lo que ocurriría con *Mycobacterium bovis*.

**Agradecimientos:** Se agradece al gobierno Regional de la Región de los Ríos por el financiamiento de este trabajo (FIC-R 2012).



## GZ26 - Diagnóstico molecular de virus distemper canino y parvovirus canino.

González-Hein G.<sup>1</sup>, Huaracán B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bioingentech. Paseo Bulnes 107 of 57, Santiago. Salas 350 Piso 2, Concepción.

[info@bioingentech.com](mailto:info@bioingentech.com)

**Introducción:** Las infecciones causadas por parvovirus canino (PVC) y por el virus del distemper canino (VDC) son importantes causas de morbilidad y mortalidad en perros. Una herramienta rápida, sensible y específica de apoyo para el diagnóstico de la gastroenteritis hemorrágica (GH) y del distemper canino (DC) son las prueba reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la PCR en Transcripción Reversa (RT-PCR) respectivamente. **Objetivo:** detectar el virus PVC tipo 2 (PVC-2) y el VDC en muestras de sangre de caninos con sospecha de GH y DC. **Materiales y métodos:** Se analizaron 211 muestras de sangre con EDTA recibidas entre abril y junio del 2014. Doce fueron para detectar la presencia de PVC-2 por el método de la PCR y 205, para detectar VDC por RT-PCR. En seis muestras (2,8%) se solicitó detectar a ambos virus. **Resultados y discusión:** El 58,3% (7/12) de las muestras fueron positivas a la presencia de ADN de PVC-2 y 13.2% (27/205) fueron positivas para ARN del VDC. Ninguna de las 6 muestras presentó co-infección. Los resultados del presente estudio muestran a nivel molecular la circulación de PVC-2 y VDC en cánidos en Chile. Dado que el DC tiene un espectro amplio de cursos clínicos y de signos neurológicos y que un posible diagnóstico diferencial es el PVC, de 100 muestras de sangre de caninos que resultaron negativas a la presencia de VDC (seleccionadas al azar), detectamos molecularmente en el 17% viremia por PVC-2. **Conclusión:** Este hallazgo sumado al bajo porcentaje en se solicitan juntos ambos exámenes en cánidos, nos hace sugerir que con mayor frecuencia se solicite la detección de conjunta VDC/PVC-2 en una muestra. La PCR también puede proveer información rápida acerca del estado de salud poblacional de cánidos en Chile y también del rol que pueden estar cumpliendo como reservorios de estos patógenos para poblaciones de animales silvestres.



## GZ29 - Distribución y genotipificación de *Cryptosporidium spp.* en heces de terneros diarreicos en la provincia de Valdivia.

Muñoz P.<sup>1</sup>, Mercado R.<sup>2</sup>, Raffo E.<sup>1,3</sup>, Peña S.<sup>2</sup>, Ozaki S.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Parasitología Veterinaria, Instituto de Patología Animal, Facultad de Cs. Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Campus Isla Teja s/n°, Valdivia, Chile. <sup>2</sup>Unidad Docente de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Programa de Doctorado en Ciencias Veterinarias, Escuela de Graduados Universidad Austral de Chile, Becario Conicyt. <sup>4</sup>Microbiology & Immunology, Virginia Commonwealth University, USA.

[pamela.munoz@uach.cl](mailto:pamela.munoz@uach.cl)

**Introducción:** El agente protozoario *Cryptosporidium* es uno de los parásitos intestinales más comunes de los vertebrados, afectando un amplio rango de hospederos que incluye al ser humano y animales domésticos como los bovinos. Su transmisión es oro-fecal por ingesta de ooquistes y es considerado uno de los principales enteropatógenos relacionados con diarrea neonatal no hemorrágica en terneros, lo que se asocia a deshidratación y cólicos, provocando disminución en la ganancia diaria de peso, lo que a su vez conlleva a pérdidas económicas en los rebaños afectados por este agente. **Objetivo:** Determinar la distribución y genotipo de *Cryptosporidium spp.* en heces de terneros diarreicos en la provincia de Valdivia. **Materiales y métodos:** Debido a su condición de zoonosis y a su alta presencia en predios lecheros en la provincia de Valdivia, demostrada mediante estudios previos (Muñoz y col., 2014), es que se seleccionaron muestras fecales con presencia confirmada del parásito mediante las técnicas de Ziehl-Neelsen y Auramina (n=31) provenientes de 12 predios de la provincia de Valdivia. El material fecal fue sometido a extracción de DNA total y posteriormente, mediante PCR se amplificaron dos segmentos diferentes del genoma del *Cryptosporidium*, correspondientes a una porción de la subunidad ribosomal 18S, obteniéndose amplificación positiva en 20 de las 31 muestras y adicionalmente las muestras con amplificación positiva a 18S fueron sometidas a la amplificación de un segmento del gen gp60 del cual se obtuvieron 12 muestras positivas. Todos los productos de amplificación de gp60 fueron enviadas a secuenciamiento determinándose que todas las muestras en las que se logra amplificación, correspondieron a *Cryptosporidium parvum*, Familia Ila y subtipo A15G2R1. **Resultados y discusión:** Los resultados muestran una población homogénea del parásito, evidenciándose la presencia de *C. parvum*, aún en los diferentes predios geográficamente distanciados, y el alineamiento sobre secuencias en genbank (NCBI) una posible nueva cepa en la región lo que sugiere un origen común de las infecciones en estos predios, siendo además el único subtipo detectado en la zona.



## GZ30 - Diversidad de los helmintos endoparásitos de mamíferos en Chile: ¿Cuánto conocemos? ¿Cuál es su importancia?

San-Martín-Órdenes J.<sup>1</sup>, Landaeta-Aqueveque C.<sup>2</sup>, González-Acuña D.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Doctorado en Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción Campus Chillán, Av. Vicente Méndez 595, Chillán, Chile. <sup>2</sup> Departamento de Patología y Medicina Preventiva, Universidad de Concepción. <sup>3</sup> Departamento de Ciencias Pecuarias, Universidad de Concepción.

[jsanmart@udec.cl](mailto:jsanmart@udec.cl)

**Introducción:** Los helmintos endoparásitos abarcan, taxonómicamente, los phyla Acanthocephala, Platyhelminthes y Nematoda. Desde la mirada tradicional de las Ciencias Veterinarias corresponden a agentes patógenos que afectan la salud animal, pero desde el enfoque de la medicina de la conservación se les considera componentes claves de la biodiversidad, con roles funcionales en las comunidades ecológicas y en la conservación de sus componentes. **Objetivo:** Evaluar el estado del conocimiento y las potenciales implicancias de la diversidad de los helmintos endoparásitos de mamíferos no humanos en Chile. **Materiales y métodos:** Realizamos una revisión bibliográfica a través de motores de búsqueda nacionales e internacionales y de algunos trabajos relevantes. **Resultados y discusión:** De 210 publicaciones, listamos 185 especies de helmintos, 3 de Acanthocephala en 9 especies de hospedadores (7 nativas), 43 de Platyhelminthes, en 39 de hospedadores (28 nativas) y 139 de Nematoda, en 64 de hospedadores (32 nativas). Una parte importante de los taxa correspondieron a registros puntuales o de identificación incompleta (registros supraespecíficos). Solo 79 especies (42,7%) parasitaron hospedadores nativos (algunas no exclusivamente). Pocos trabajos mencionan el depósito en una colección. Existen bastantes cambios de nomenclatura y posiblemente, errores de identificación. Del total de especies de mamíferos hospedadores, solo 38 fueron nativas ( $\approx 24\%$  de la diversidad chilena,  $n=157$ ) pertenecientes a los órdenes Carnivora, Cetartiodactyla, Rodentia y Chiroptera. Gran parte de esta información se basa en especies parásitas de hospedadores en diferentes etapas de invasión, lo que atribuimos a la dificultad de recolectar desde animales nativos. Es posible que ocurran intercambios en la interfaz de fauna silvestre-doméstica y/o mezcla de poblaciones de diferentes orígenes biogeográficos de una misma especie. **Conclusión:** El conocimiento de la diversidad de helmintos endoparásitos en mamíferos presentes en Chile es fragmentario, sesgado y funcionalmente podrían haber efectos en la conservación de la biodiversidad nativa de helmintos y/o mamíferos.



## GZ31 - Echinococcosis en perros de Isla Mocha, región del Bío-Bío.

Cortés S.<sup>1</sup>, Jercic MI.<sup>2</sup>, Aylwin MP.<sup>2</sup>, Landaeta-Aqueveque C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Vicente Méndez 595, Casilla 537. Chillán. <sup>2</sup>Instituto de Salud Pública de Chile.

[clandaeta@udec.cl](mailto:clandaeta@udec.cl)

**Objetivos:** Estimar y comparar el índice de infestación ambiental (IIA) por huevos del complejo *Echinococcus granulosus* presentes en heces de caninos entre los distintos sectores de Isla Mocha. **Materiales y métodos:** La Isla Mocha, al sur de la Región del Biobío, comprende un área silvestre nativa central, rodeada de predios (sectores Norte y Sur) y un pequeño poblado (sector “La Hacienda”). Esta isla tiene condiciones favorables para la presentación de echinococcosis: ganadería extensiva, carencia de planta faenadora, y deambulación libre de perros con acceso a animales muertos, restos de faenamiento y huertos. Se definió como unidad epidemiológica (UE) al predio en los sectores Norte y Sur, y a la vivienda en La Hacienda. Se muestrearon aleatoriamente heces de perros en 25 predios y 14 viviendas. Para diagnosticar echinococcosis las heces fueron analizadas mediante PCR. Se identificaron conductas de riesgos mediante una encuesta. Las asociaciones entre conductas de riesgo y sectores con el IIA (proporción de UE positivas) se analizaron mediante regresión logística y prueba de Fisher. **Resultados y discusión:** Se encontraron muestras positivas en cuatro parcelas y tres viviendas. Se encontraron IIA altos (>10%) en los tres sectores. También son altas las frecuencias de conductas de riesgo como eliminar vísceras a pleno campo (69%), alimentar perros con restos de animales crudos (41%) y no desparasitar frecuentemente (72%). No se encontraron asociaciones estadísticas significativas. Tanto los riesgos como los IIA son homogéneos en toda la isla, lo que se explica por el desplazamiento libre tanto de perros (75% tiene acceso a otras UE) como del ganado. Son necesarias medidas de control a corto y mediano plazo. **Conclusión:** El libre deambular de perros y las conductas de riesgo favorecen el alto IIA por *E. granulosus* en los distintos sectores de Isla Mocha.

**Agradecimientos:** IM Lebu, SEREMI Medio Ambiente Biobío, PRODESAL Isla Mocha.



## GZ33 - Epidemiología molecular de malaria aviar en colonias reproductivas de pingüinos del género *Spheniscus*: Más preguntas que respuestas.

Sallaberry-Pincheira N.<sup>1,2</sup>, González-Acuña D.<sup>3</sup>, Herrera-Tello Y.<sup>1</sup>, Dantas GPM.<sup>4</sup>, Luna-Jorquera G.<sup>5</sup>, Frere E.<sup>6</sup>, Valdés-Velasquez A.<sup>7</sup>, Simeone A.<sup>8</sup>, Vianna JA.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Escuela Medicina Veterinaria, Facultad Ecología y Recursos Naturales, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Departamento de Ecosistemas y Medio Ambiente, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile. <sup>4</sup>Pontificia Universidade Católica de Minas Gerais, Brasil. <sup>5</sup>Universidad Católica del Norte & Centro de Estudios Avanzados en Zonas Áridas CEAZA, Chile. <sup>6</sup>Centro de Investigaciones de Puerto Deseado, Universidad Nacional de la Patagonia Austral, Argentina. <sup>7</sup>Laboratorio de Estudios en Biodiversidad, Facultad de Ciencias Biológicas y Fisiológicas, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú. <sup>8</sup>Departamento de Ecología y Biodiversidad, Facultad de Ecología y Recursos Naturales, Universidad Nacional Andrés Bello, Chile.

[nicole.sallaberry@unab.cl](mailto:nicole.sallaberry@unab.cl)

**Introducción:** La malaria aviar es una patología sistémica causada por Hemosporidios de los géneros *Plasmodium*, *Haemoproteus*, y *Leucocytozoon*. Afecta a gran parte de las especies de aves, y la severidad del cuadro clínico depende principalmente de la susceptibilidad de las diferentes especies. Los Sphenisciformes han sido catalogados como especies altamente susceptibles a esta enfermedad y ha sido considerada como la principal causa de morbilidad y mortalidad de pingüinos en cautiverio a nivel mundial. Debido a la sugerente amenaza para las poblaciones naturales esta enfermedad ha comenzado a estudiarse en colonias de pingüinos silvestres, sin embargo en Argentina, Chile y Perú no se ha realizado un diagnóstico acabado.

**Objetivo:** Realizar un monitoreo de la parasitemia de estos Hemosporidios en la distribución completa del pingüino de Humboldt (*Spheniscus humboldti*) y pingüino Magallánico (*Spheniscus magellanicus*) en Sudamérica. **Materiales y Métodos:** Se obtuvo sangre de 501 pingüinos de Humboldt y 360 pingüinos Magallánicos de 13 colonias reproductivas del océano Pacífico y Atlántico. Para identificar parasitemia utilizamos partidores específicos para el citocromo *b* del ADN mitocondrial de los géneros de estos parásitos y realizamos PCR convencional y anidado.

**Resultados y Discusión:** Solo tres individuos fueron encontrados positivos a linajes nuevos de *Haemoproteus* de pingüinos de Humboldt, correspondiendo a una prevalencia de 0,6% para la especie, mientras que todas las muestras de pingüinos Magallánicos fueron negativas. Resulta interesante la baja prevalencia de Hemosporidios en muestras sanguíneas de pingüinos de vida silvestre, en comparación al 18% de prevalencia encontrada en algunas aves terrestres no migratorias de Chile. Esto podría deberse a que la enfermedad en vida silvestre podría presentar un curso más bien crónico, donde el parásito se encuentra latente en el tejido hepático. Estudios posteriores deberían ser dirigidos a fin de pesquisar el desarrollo crónico de la enfermedad en pingüinos silvestres.

**Agradecimientos:** FONDECYT 11110060; FONDECYT 1010250; FONDECYT 1100695; CNPq 490403/2008-5; FAPESP 2009/08624-8; Sea World and Busch Gardens Conservation Fund y CONICYT. Permiso Subpesca # 110.



## GZ34 - Estimación de la frecuencia y carga parasitaria de helmintos gastrointestinales en caninos de la comuna de La Florida.

Castro V.<sup>1</sup>, Ramírez D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146.

[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** Durante los últimos años han ido adquiriendo mayor relevancia las infecciones transmitidas por mascotas debido al estrecho contacto existente entre ellas y el ser humano. Por esto se hace necesario tener información sobre la frecuencia de parásitos, para recomendar medidas de control. **Objetivos:** 1) Estimar la frecuencia y carga parasitaria de helmintos en muestras de heces de caninos de la comuna de La Florida, en la ciudad de Santiago. 2) Establecer si existen diferencias según sexo de los caninos estudiados. 3) Determinar la carga parasitaria por el método de McMaster. **Materiales y Métodos:** Se recolectaron muestras de materia fecal de 138 caninos, 66 hembras y 72 machos. Las muestras fueron sometidas al método de Teuscher y al método de McMaster. Se estimó la frecuencia de parasitismo expresada en porcentaje y se determinó si existen diferencias estadísticas entre sexo, mediante la prueba de  $X^2$  ( $p \leq 0,05$ ). **Resultados y discusión:** De las 138 muestras fecales analizadas, 27 resultaron positivas, lo que corresponde a un 19,56% de infección. Se identificaron las siguientes especies: *Trichuris vulpis* con 11,59% y 100 huevos por gramo de heces (hpg); *Toxocara canis* con 7,97% y 95 hpg; *Ancylostomideos* con 2,17% y 67 hpg; y *Dipylidium caninum* con 1,45%. En relación al sexo de los caninos, se encontraron 10,1% de las hembras parasitadas y 9,4% de los machos positivos ( $p > 0,05$ ). **Conclusiones:** Existe un moderado nivel de parasitismo en los caninos de la comuna de La Florida. Se detectaron cuatro especies parasitarias: *Ancylostomideos*, *Dipylidium caninum*, *Toxocara canis* y *Trichuris vulpis*, los cuales tienen un potencial zoonótico que debe ser considerado. En relación al factor sexo, no hubo una diferencias estadísticamente significativas entre las variables ( $p > 0,05$ ). Se encontraron bajas cargas parasitarias en las muestras analizadas.



## GZ35 - Estudio de huevos de *Toxocara* en muestras de suelo provenientes de áreas verdes de la ciudad de Chillán, Chile.

Melin M.<sup>1</sup>, Lisboa R.<sup>1</sup>, Landaeta-Aqueveque C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Vicente Méndez 595, Casilla 537. Chillán.

[clandaeta@udec.cl](mailto:clandaeta@udec.cl)

**Objetivos:** Evaluar la contaminación con huevos *Toxocara sp.* en los suelos de áreas verdes de la ciudad de Chillán, durante el verano. **Materiales y métodos:** El estudio se realizó en la ciudad de Chillán en los meses de Enero y Febrero del 2014. Se muestrearon aleatoriamente 43 de 78 áreas verdes concesionadas. Se extrajeron muestras de suelo en puntos aleatoriamente seleccionados mediante la técnica de “las V contrapuestas”, pero donde no había heces. Estas muestras fueron analizadas con dos técnicas descritas previamente. Ambas técnicas fueron evaluadas y validadas con una muestra de tierra infectada. **Resultados y discusión:** En contraste con los reportes en otras localidades, no se encontraron huevos tipo *Toxocara* en los suelos estudiados. Una causa para esta diferencia es que en este estudio se evaluó exclusivamente tierra, evitando incluir heces directamente en las muestras. Los huevos de *Toxocara* pueden resistir mucho tiempo en el ambiente y, por ende, es esperable encontrarlos distantes de las heces, pero también es posible que sean diseminados por el pisoteo, el riego, el viento y vectores, produciendo una importante dilución de éstos. Si bien las técnicas fueron validadas y han sido utilizadas previamente, la baja sensibilidad de éstas es reconocida. No incluimos como posible causa una eventual escasez de perros, pues éstos estuvieron presentes en muchas plazas. Nuevos estudios que evalúen paralelamente las heces de los perros, y que incluyan las otras estaciones, son necesarios, no sólo para evaluar el efecto climático del invierno, sino también el efecto mecánico de la lluvia. El resultado negativo no implica carencia de riesgo de zoonosis en las áreas verdes, sino que destaca que de haber riesgo, éste yacería principalmente en el contacto más directo con las heces. **Conclusión:** Las áreas verdes concesionadas de Chillán carecieron de cargas importantes de huevos de parásitos en el suelo durante enero y febrero de 2014.

**Agradecimientos:** Ilustre Municipalidad de Chillán, Departamento de Aseo y Ornato.





## GZ36 - Estudio de la eficacia de tres antiparasitarios para el control de *Toxocara canis* administrados en caninos hasta el periodo de destete.

Castro V.<sup>1</sup>, Román S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146.

[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** *Toxocara canis* es uno de los nemátodos de mayor importancia en caninos. Para el control existen múltiples productos antiparasitarios utilizados durante décadas en el medio nacional, lo que podría traducirse en una resistencia. **Objetivos:** 1) Evaluar la eficacia de tres antiparasitarios en el control de *Toxocara canis*. 2) Evaluar la reducción del pasaje de huevos en los caninos desparasitados. **Materiales y Métodos:** Se trabajó con 18 camadas positivas a *Toxocara canis* divididas en tres grupos de seis. Cada grupo recibió un antiparasitario distinto: Febantel con Pamoato de Pirantel, Pamoato de pirantel y Levamisol. Las muestras de heces de cachorros fueron sometidas al método de Teuscher y método de McMaster. Se realizaron dos desparasitaciones: la primera a los 21-35 días de edad y la segunda 14 días después. La eficacia se determinó mediante el cambio relativo de la carga parasitaria y se comparó cuantitativamente mediante la prueba de Tukey ( $p \leq 0,05$ ). **Resultados:** En la primera desparasitación se obtuvo un 96,6% de eficacia con Levamisol, un 95,5% con Febantel con pamoato de pirantel y un 65% para Pamoato de pirantel. En la segunda desparasitación se obtuvieron 91%, 99,1% y 83% respectivamente. La carga parasitaria inicial promedio fue de 4817 huevos por gramo de heces (hgh). La carga parasitaria final fue 19 hgh. **Conclusiones:** Los productos Febantel con pamoato de Pirantel y Levamisol demuestran una mayor eficacia (sobre el 90%) en comparación con el pamoato de pirantel, pero esta superioridad no fue significativa. Se detectó una reducción del pasaje de huevos a través del tiempo, no existiendo diferencias estadísticamente significativas entre los tres productos utilizados.



## GZ37 - Estudio de la transcripción diferencial de genes (transcriptoma) en ovejas infectadas con *Fasciola hepatica* mediante RNA-Seq.

Alvarez C.<sup>1</sup>, Jex A.<sup>1</sup>, Ansell B.<sup>1</sup>, Hall R.<sup>1</sup>, Gasser R.<sup>1</sup>, Scheerlinck JP.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculty of Veterinary Science, Park drive and Flemington Road, Victoria, 3052, Australia.  
[alvarezc@unimelb.edu.au](mailto:alvarezc@unimelb.edu.au)

**Objetivos:** 1) Determinar la transcripción diferencial en tejido hepático ocho semanas después de la infección con el parásito. 2) Determinar la transcripción diferencial en PBMCs (peripheral blood mononuclear cells) en tres tiempos: pre infección, dos semanas y ocho semanas después de la infección. **Materiales y métodos:** RNA total fue extraído a partir de hígado y PBMCs usando TriPure. RNA mensajeros fueron purificados y secuenciados en la plataforma Illumina. Reads obtenidos fueron analizados usando herramientas bioinformáticas. Diferencias en transcripción genética fueron estimadas usando NOISeq. **Resultados y discusión:** Genes diferencialmente expresados fueron analizados y comparados entre animales infectados y controles. Análisis de pathways (KEGG) y de gene ontology (GO) muestran que genes positivamente regulados en animales infectados están involucrados con el Sistema inmune, con la reparación de tejidos/fibrosis y con la regulación del ciclo celular en hígado infectado. En PBMCs, genes positivamente regulados provenientes de animales infectados están involucrados en específicas tareas del sistema inmune, mientras que genes que son negativamente regulados están involucrados con eventos que controlan la regulación de la transcripción genética. **Conclusiones:** Los resultados obtenidos permiten obtener por primera vez el análisis del transcriptoma de la oveja infectada con *F. hepatica*. Los genes identificados contribuyen a la profundización del conocimiento en la relación hospedero/parásito y pueden ser usados como biomarcadores de la infección.



## GZ38 - Evaluación cualitativa preliminar de riesgo: Caso PRRS.

González A.<sup>1</sup>, Perez P.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Servicio Agrícola y Ganadero. <sup>2</sup>Asociación de Productores Avícolas de Chile A.G. (APA)  
[alvaro.gonzalez@sag.gob.cl](mailto:alvaro.gonzalez@sag.gob.cl)

**Introducción:** El año 2013, el Servicio Agrícola y Ganadero (SAG) confirmó la presencia del Síndrome Reproductivo y Respiratorio Porcino (PRRS) en un plantel de reproductoras de la Región Metropolitana (RM). La cepa viral no había sido identificada antes. Hasta la fecha se han confirmado 60 unidades de producción como positivas, 38 del sector industrial y 22 del sector no industrial. Otras regiones afectadas son O'Higgins y del Biobío. **Objetivo:** Desarrollar una evaluación preliminar cualitativa del riesgo de diseminación de PRRS dentro del país. **Materiales y métodos:** Se utilizaron como bases de datos los registros del brote del SAG, datos del censo agropecuario, encuestas realizadas por el SAG y otras entidades, los reportes de resultados de laboratorio, de atención de denuncias y los informes epidemiológicos de investigación del caso. El sistema de información geográfico usado fue el SAG SIGREN. Se siguió el método de evaluación de riesgo empleado por FAO para la evaluación cualitativa del virus de la influenza aviar H7N9. **Resultados y discusión:** El movimiento del PRRS en Chile dentro de las zonas afectadas ha sido por vecindad geográfica y movimiento legal/ilegal de cerdos. Otras causas importantes han sido el movimiento de fómites contaminados y fallas de bioseguridad de los planteles. El movimiento del PRRS desde zonas afectadas a zonas no afectadas de riesgo moderado o bajo se ha asociado al movimiento legal/ilegal de cerdos con fines de reproducción o traslado para continuar el proceso productivo. No se ha asociado el movimiento de vehículos que transportan animales vivos, cadáveres o guano o el semen a la diseminación del PRRS. **Conclusión:** La vigilancia debería orientarse a poblaciones animales de riesgo geográfico identificadas en la evaluación preliminar de riesgo.



## GZ40 - Evaluación de la eficacia de la inmunización contra *Salmonella* Enteritidis en gallinas ponedoras Lohman Brown.

Ruiz Díaz N.<sup>1</sup>, Ortiz K.<sup>1</sup>, Colin J.<sup>1</sup>, Cisternas C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás, Temuco. Chile. Manuel Rodríguez 060, Temuco. <sup>2</sup>Escuela de Tecnología Médica, Universidad Santo Tomás, Temuco. Chile.

[nancyruiz@santotomas.cl](mailto:nancyruiz@santotomas.cl)

**Objetivo:** Evaluar la eficacia de la inmunización, con bacterias enteras o derivados proteicos de *Salmonella* Enteritidis, en gallinas desafiadas con la misma bacteria vía oral. **Materiales y métodos:** Gallinas ponedoras (n=15; Lohman Brown) de 26 semanas de edad fueron distribuidas al azar en tres grupos: Control (C): sin inmunización, T1: inmunizadas con derivados de proteínas bacterianas y T2: inmunizadas con bacterias enteras. Las gallinas fueron inmunizadas por vía parenteral cada 14 días, desde la semana 26 a la 32. En la semana 60 fueron reinmunizadas y posterior a esto fueron desafiadas por vía oral con 5 x 10 UFC de *Salmonella* Enteritidis por una sola vez (semana 61). Muestras de sangre fueron obtenidas a las 26, 28, 30, 32 y 60 semanas de edad para medir la concentración sérica de IgY mediante un test de ELISA indirecto. Conjuntamente, antes del desafío, 7 días y 14 días posterior a este se tomaron muestras fecales, cloacales, de cáscara y yema de huevo para cultivos microbiológicos. **Resultados y discusión:** Los títulos de IgY séricos obtenidos, tanto en el grupo T1 como T2, incrementaron desde la primera inmunización, alcanzando su peak posteriormente a la cuarta (semana 32). Títulos similares fueron logrados nuevamente luego de la reinmunización (semana 60). Los resultados de los cultivos microbiológicos previos al desafío fueron negativos a la bacteria para todos los grupos. Siete días post desafío 60% de las muestras del Grupo C fueron positivas y el 100% de las muestras fueron negativas para los Grupos T1 y T2. A los 14 días post exposición el 100% de las muestras del Grupo C fueron positivas, mientras que los Grupos T1 y T2 se mantuvieron negativos. **Conclusión:** La inmunización contra *Salmonella* Enteritidis, utilizando derivados de la bacteria y bacterias enteras, logró proteger a las aves tras el desafío oral de las mismas con bacteria enteras.



## GZ41 - Evaluación de tres ensayos de ELISA indirecto para la medición de anticuerpos contra *Escherichia coli* patógeno aviar.

Ivulic DL.<sup>1</sup>, Hidalgo H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Patología Aviaria, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de Chile  
Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile.

[hhidalgo@uchile.cl](mailto:hhidalgo@uchile.cl)

**Objetivo:** Evaluar tres ensayos de ELISA indirecto para la medición de anticuerpos contra *Escherichia coli* patógeno aviar. **Materiales y métodos:** Se realizaron pruebas de ELISA para la detección de anticuerpos aviares contra *Escherichia coli*. Éstas se basaron en tres formatos del antígeno con que se recubrió la placa, que tuvieron la finalidad de evaluar la especificidad de cada presentación en la discriminación de anticuerpos generados contra cepas de *E. coli* de distinto serotipo. Se utilizó *E. coli* del serotipo O1:K1(F1) en la preparación de las tres formatos del antígeno: A) bacteria entera lavada en PBS; B) bacteria tratada térmicamente mediante autoclave para la remoción de antígenos termosensibles (K, F, H), manteniendo el antígeno sómático (O) termoestable, que se encuentra formando parte del lipopolisacárido (LPS) de la membrana externa bacteriana; y C) LPS de la bacteria, extraído con fenol y agua caliente (método Westphal), purificado con proteinasa K, RNasa y DNasa. Con estos 3 formatos del antígeno *E. coli* O1:K1(F1) se cubrieron placas ELISA independientes para analizar sueros correspondientes a dos grupos de pollos broilers experimentales ( $n=3$ ) inmunizados a los 35 y 51 días de edad con la cepa *E. coli* O1:K1(F1) o O86:K61(B), además de un grupo control. Se obtuvo suero a los 35, 51 y 62 días de edad y los resultados se analizaron con la prueba de Kruskal-Wallis ( $p \leq 0,05$ ). Adicionalmente con LPS O1:K1(F1) se realizó Western Blot a los sueros obtenidos. **Resultados y discusión:** En los resultados se observó que tanto la placa ELISA formato A) como la B) mostraron altos niveles de anticuerpos para los sueros contra O1:K1(F1) y O86:K61(B), con alta reacción cruzada, siendo el antígeno con tratamiento térmico el que mostró mayores diferencias entre serotipos. La placa recubierta con LPS O1:K1(F1) presentó alta especificidad para los sueros generados contra su mismo serotipo, lo que se pudo observar también en Western Blot, aunque sin diferencias significativas dada la variabilidad de la respuesta inmune. **Conclusión:** *E. coli* O1:K1(F1) entera o tratada térmicamente presentó alta reacción cruzada con sueros del serotipo O86:K61(B). Al contrario, con LPS presentó alta especificidad en la medición de anticuerpos.



## GZ42 - Evaluación del efecto potenciador de antibióticos de nanopartículas de plata (AgNPs), sobre cepas de *Escherichia coli in vitro*.

Alvarez H.<sup>1</sup>, Nelson P.<sup>2</sup>, Castro M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás sede Santiago. Avda. Ejército Libertador 146, Santiago. <sup>2</sup>Departamento Ciencias Básicas, Universidad Santo Tomás.

[h.alvarezbossi@gmail.com](mailto:h.alvarezbossi@gmail.com)

**Introducción:** Las enfermedades infecciosas causadas por bacterias resistentes a diversos antibióticos constituyen un gran problema dentro de la Medicina Veterinaria, afectando a especies de compañía, producción, deportivas y silvestres. Es por esto, que se hace indispensable continuar con el estudio de nuevos agentes con capacidad antimicrobiana y/o potenciadores del efecto antimicrobiano. **Objetivo:** Determinar el efecto *in vitro* de nanopartículas de plata (AgNPs), como potenciador de la acción de los antibióticos Enrofloxacino y Ampicilina sobre aislados clínicos de *E. coli* obtenidos de pacientes caninos sanos. **Materiales y métodos:** Para el desarrollo del estudio se aislaron 21 cepas de *E. coli*, utilizando medios de cultivos selectivos, partir de 50 muestras rectales de caninos sanos del Hospital Veterinario UST, sin discriminar edad, sexo y raza. **Resultados y discusión:** De las 21 cepas de *E. coli* aisladas, 4 presentaron resistencia para Ampicilina, fenómeno no observado en el tratamiento con Enrofloxacino. Para evaluar el efecto potenciador de AgNPs, se determinó el halo de inhibición del crecimiento en placa y la concentración mínima inhibitoria a la mezcla de cada antibiótico con AgNps, esto fue evaluado en cada una de las cepas aisladas Los resultados indican un importante aumento en la eficacia de los antibióticos cuando están asociados a AgNPs. En particular, cepas resistentes a la ampicilina se hacen sensibles nuevamente al antibiótico suplementado con AgNps comparado con la cepa control. **Conclusión:** Los resultados obtenidos sugieren que las AgNPs ejercen un efecto potenciador de la actividad antibiótica de Enrofloxacino y Ampicilina.



## GZ43 - Evaluación experimental de saponinas del quillay (*Quillaja saponaria*) como inhibidoras del desarrollo de coccidias intestinales en pollos de engorda.

Hidalgo H.<sup>1</sup>, Espejo R.<sup>1</sup>, Egaña S.<sup>1</sup>, Cortés H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Patología Aviaria, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>2</sup>Desert King, Viña de Mar, Chile.

[hhidalgo@uchile.cl](mailto:hhidalgo@uchile.cl)

**Objetivo:** Evaluar la efectividad de un producto comercial (Nema-Q®), basado en saponinas del quillay (*Quillaja saponaria*), como agente inhibidor del desarrollo de coccidias intestinales en pollos de engorda, infectados experimentalmente. **Materiales y métodos:** Nema-Q® (saponinas) fue aplicado en el agua de bebida. Cada pollo se inoculó vía oral con 15 veces la dosis de vacuna viva Immucox®. 132 pollos machos Ross, fueron divididos en grupos: 1) Control C/S: con desafío y sin saponinas (30 pollos). 2) Grupo125: con desafío y con 125 ppm de saponinas (30 pollos). 3) Grupo250: con desafío y con 250 ppm de saponinas (30 pollos). 4) Grupo500: con desafío y con 500 ppm de saponinas (30 pollos). 5) Control S/S: sin desafío y sin saponinas (12 pollos). **Resultados y discusión:** El efecto anticoccidiano de las saponinas fue evaluado mediante: A) Recuento de ooquistes en deyecciones: Las saponinas redujeron notoriamente el número de ooquistes por gramo de deyecciones en los grupos tratados con saponinas. B) Lesiones intestinales macroscópicas: fueron evaluadas según la escala de Johnson y Reid (1970) y se manifestaron a nivel del duodeno en los grupos Control C/S, Grupo 1 y Grupo 2. Las lesiones intestinales microscópicas: fueron inespecíficas en todos los grupos. C) Efectos en ganancia de peso y eficiencia de conversión alimentaria: Se midieron los pesos a los 4, 8, 14 y 21 días de edad para estimar la ganancia de peso en 3 distintas fases ((1) de los 4 a los 8; (2) de los 8 a los 14 y (3) de los 14 a los 21 días de edad), y el consumo de alimento en las tres fases para poder estimar el IECA, encontrándose diferencias significativas entre los grupos. **Conclusión:** Las saponinas del quillay disminuyeron el número de ooquistes en deyecciones y redujeron el grado de severidad de las lesiones intestinales en los grupos tratados, en comparación a los no tratados.



## GZ44 - Factores demográficos y prácticas de manejo de la población de perros en zonas urbanas y rurales que podrían facilitar la infestación por garrapatas en cuatro regiones de Chile.

Alvarado D.<sup>1</sup>, Abarca K.<sup>2</sup>, López J.<sup>3</sup>, Acosta-Jamett G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria y Programa de Investigación Aplicada en Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Casilla 567, Valdivia, Chile. <sup>2</sup>División de Pediatría, Facultad de Medicina y Laboratorio Infectología y Virología Molecular Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Hospital Veterinario Puente Alto, Puente Alto, Santiago, Chile.

[gerardo.acosta@uach.cl](mailto:gerardo.acosta@uach.cl)

**Objetivo:** Determinar factores demográficos y de manejo que puedan influenciar la infestación por garrapatas en poblaciones de perros de cuatro regiones de Chile. **Materiales y métodos:** Se realizó un estudio transversal entre 2011 y 2012 en cuatro ciudades de Chile: Arica, Coquimbo, la comuna de Puente Alto y Angol y en zonas rurales aledañas. Mediante encuestas epidemiológicas en viviendas previamente seleccionadas aleatoriamente en un diseño estratificado en ciudades y un muestreo por conveniencia en zonas rurales se obtuvo información para determinar factores demográficos y de manejo que pudieran incidir en la infestación por garrapatas, las cuales se obtuvieron de perros infestados. Se realizaron análisis estadísticos para comparar entre zonas urbanas y rurales mediante pruebas de Chi cuadrado y Fisher, con un nivel de significancia de 0,1, utilizando el software R. **Resultados y discusión:** Se encuestaron 1650 viviendas, de las cuales 921 tenían perros. Se observó mayor % de viviendas con perro y una menor razón persona/perro en zonas rurales. Un 53% (488/921) de los animales tuvieron algún grado de infestación con garrapatas; la mayoría correspondieron a perros rurales (28%, 259/921). Esta situación fue diferente en Angol rural donde se encontraron más perros sin infestaciones en la zona rural. **Conclusión:** Se observa mayor infestación por garrapatas en zonas rurales que urbanas salvo en la zona de Angol, lo cual podría ser explicado por factores demográficos, de manejo y ambientales.

**Agradecimientos:** Proyectos FONDECYT N°1100809 y N° 11100303.





## GZ45 - Frecuencia y estimación de la carga parasitaria de coccidias intestinales en criaderos de caninos en la ciudad de Santiago, Región Metropolitana.

Castro V.<sup>1</sup>, Zapata J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Santo Tomás, Av. Ejército 146, Santiago.

[vcastrovet@gmail.com](mailto:vcastrovet@gmail.com)

**Introducción:** La coccidiosis en perros y gatos es una infección parasitaria debida a la presencia y acción de protozoarios del género *Isoospora spp.* Otro protozoario también considerado coccidia es el *Cryptosporidium spp.* Estos parásitos no producen ningún problema en la mayoría de los perros adultos, sin embargo, algunas veces pueden producir diarreas severas en cachorros que se mantienen en hacinamiento. **Objetivos:** 1) Estimar la frecuencia y la carga parasitaria de *Isoospora spp.* en cachorros de criaderos. 2) Estimar la frecuencia de *Cryptosporidium spp.* en cachorros de criaderos. 3) Detectar la presencia de coccidias en hembras reproductoras. **Materiales y métodos:** Se obtuvieron muestras fecales de 48 camadas, independientes de la raza y del sexo, y de edades entre los 35 días a 4 meses de vida. Además se incluyeron las madres de las respectivas camadas. Para el análisis de las muestras se utilizaron el método de Teuscher, Método de Mc Master y la Tinción de Ziehl Neelsen modificada. **Resultados:** De las 48 camadas analizadas mediante el método de Teuscher, 7 resultaron positivas a *Isoospora spp.*, correspondiendo a un 14,6%. Las muestras fecales de las camadas resultaron negativas a *Cryptosporidium spp.* Con respecto a las hembras adultas, 2 presentaron *Isoospora spp.* (4,2%) y una resultó positiva a *Cryptosporidium spp.* (2%). Las cargas parasitarias de *Isoospora spp.* en los animales positivos, fluctuaron entre 450 y 1550 ooquistes por gramo de heces. **Conclusiones:** Se determinó una baja presencia de *Isoospora spp.* y *Cryptosporidium spp.* en criaderos caninos de la ciudad de Santiago. Existe una leve o baja carga parasitaria de *Isoospora spp.* en las muestras positivas analizadas.



## GZ46 - Generación de un método de ELISA para la identificación del perfil alimentario de triatominos.

Chacón F.<sup>1</sup>, Quiroga JF.<sup>1</sup>, Bacigalupo A.<sup>2</sup>, Terrada P.<sup>1</sup>, Cattán P.<sup>2</sup>, Ramírez G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Parasitología, Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

<sup>2</sup>Laboratorio de Ecología, Departamento de Ciencias Biológicas Animales, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

[galiaram@uchile.cl](mailto:galiaram@uchile.cl)

**Introducción:** La enfermedad de Chagas es transmitida por vectores triatominos cuya fuente de alimentación la constituyen, en su mayor parte, mamíferos domésticos y silvestres que actúan como reservorios de *Trypanosoma cruzi*, su agente causal. Se propone generar un ensayo inmunoabsorbente ligado a enzima (ELISA) que permita discriminar las distintas fuentes alimentarias de estos insectos. **Objetivo:** Generar un ensayo de ELISA para determinar el perfil alimentario de triatominos. **Materiales y métodos:** Se utilizaron 9 antisueros policlonales anti-inmunoglobulinas (Igs) de distintas especies animales (perro, gato, humano, cabra, ratón, gallina, degú, yaca y lauchón orejudo) donados por el Dr. Arturo Ferreira, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Placas de ELISA fueron sensibilizadas con sueros de distintas especies animales diluidos 1:100.000 en PBS. Como control negativo se utilizó PBS y como control positivo IgG de conejo. Seguido, se agregaron los antisueros de distintas especies animales. Luego, se agregó el anticuerpo secundario de cabra anti-IgG de conejo diluido 1:2.000. Finalmente, se adicionó el sustrato ABTS (azino-bis (3-etilbenzotiazolin-6-ácido sulfónico)). Las absorbancias fueron leídas a 405 nm de longitud de onda en un lector de ELISA (Bio-Rad). Las reacciones fueron consideradas positivas mediante un valor de corte, el cual debe ser mayor o igual a dos desviaciones estándar promedio de los controles negativos (en valores de absorbancia es cercano a 0,2 nm). **Resultados y discusión:** Los antisueros resultaron específicos contra las Igs que les dieron origen en diluciones de 1:40.000 a 1:800.000. La técnica reconoce y discrimina antisueros en diluciones de: 1:800.000 en perro, 1:100.000 en gato, 1:512.000 en humano; 1:64.000 en cabra; 1:50.000 en ratón; 1:56.000 en gallina, 1:40.000 en degú, 1:64.000 en yaca y 1:120.000 en lauchón orejudo. **Conclusión:** Esta técnica puede ser aplicada para identificar y discriminar la presencia de Igs de distintas especies animales presentes en las deyecciones de triatominos.



## GZ47 - Hallazgos histopatológicos en riñones decomisados de bovinos en una planta faenadora de la Región de los Ríos, Chile.

Paredes E.<sup>1</sup>, Vargas K.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Patología Animal, Facultad Cs. Veterinarias, Universidad Austral de Chile.  
[eparedes@uach.cl](mailto:eparedes@uach.cl)

**Objetivos:** Determinar las características histológicas de riñones de bovinos decomisados en una planta faenadora de carne, así como entregar información respecto al rol de los inspectores en la correcta interpretación del decomiso renal. **Materiales y métodos:** Entre noviembre y diciembre de 2012, en la planta faenadora de carne FRIVAL de Valdivia, se realizó un muestreo de los riñones decomisados. Durante estos meses se faenaron 4900 bovinos, decomisándose aproximadamente el 75% de los riñones. Se recolectaron muestras de 138 riñones, provenientes de 537 animales. Se muestrearon sólo órganos decomisados por los técnicos inspectores oficiales del Servicio Agrícola y Ganadero. Las muestras fueron guardadas en formalina tamponada (4%), siendo procesadas histológicamente y teñidas con hematoxilina eosina, observándose con microscopio óptico. **Resultados y discusión:** Macroscópicamente los riñones fueron decomisados principalmente por: nefritis (11,4%), otras causas de decomiso (OTC) con el 6,0% y quistes renales (5,8%). Microscópicamente las lesiones encontradas fueron clasificadas en: trastornos inflamatorios (60,9%), trastornos misceláneos (24,6%), trastornos del desarrollo (19,6%), trastornos pigmentarios (16,7%), trastornos circulatorios (10,1%), trastornos necróticos (6,5%) y trastornos del metabolismo celular (5,1%). En base a los resultados microscópicos se constató que el diagnóstico macroscópico fue certero en el 74,2% para el caso de nefritis intersticial y en el 57,3% para el caso de quistes renales. Dentro de los riñones clasificados como OTC se observó que el 50% de ellos correspondió a trastornos de tipo inflamatorio, siendo el 15,6% de ellos glomerulonefritis. La información obtenida, puede ser de utilidad para implementar medidas de manejo destinadas a disminuir las causas de nefritis, la principal causa de decomiso, además, se encontró que existe diferencia entre el diagnóstico instaurado por los inspectores y el diagnóstico final, esto indica la necesidad de implementar un sistema permanente de capacitación. **Conclusión:** Las principales causas de decomiso fueron: trastornos inflamatorios, trastornos misceláneos y trastornos del desarrollo.



## GZ48 - Identificación de virus Influenza A en sistemas productivos de traspatio vecinos al humedal El Yali.

Bravo N.<sup>1</sup>, Lazo A.<sup>1</sup>, Di Pillo F.<sup>1</sup>, Neira V.<sup>2</sup>, Jiménez P.<sup>3</sup>, Schultz-Cherry S.<sup>4</sup>, Hamilton-West C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unidad de Epidemiología. Departamento de Medicina Preventiva Animal. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Universidad de Chile. <sup>2</sup>Laboratorio de Virología. Departamento de Medicina Preventiva Animal. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Universidad de Chile.

<sup>3</sup>PhD Comparative Biomedical Science Program. School of Veterinary Medicine. University of Wisconsin-Madison. <sup>4</sup>Infectious Diseases Department. St. Jude Children's Research Hospital.

[christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl](mailto:christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl)

**Objetivos:** Obtener evidencia de presencia de virus influenza (VI) A en aves y cerdos de traspatio en la proximidad de la Reserva Nacional El Yali (EY), zona caracterizada por la presencia de planteles avícolas industrializados y de humedales naturales. **Materiales y métodos:** Se identificaron 46 SPT presentes en un radio de 5 km desde la reserva nacional EY, 40 de los cuales aceptaron participar del estudio, siendo muestreados en dos estaciones del año (otoño y primavera). Se obtuvieron muestras frescas de sangre, además de tómulas cloacales y nasales de aves y cerdos, respectivamente. Estas muestras fueron transportadas en medio viral universal (UTM™Copan) al Laboratorio Centralizado de Investigación Veterinaria (LaCIV). Los sueros obtenidos fueron analizados mediante ELISA (IDEXX). Las muestras de tómulas obtenidas durante la primera y segunda temporada fueron analizadas mediante RT-PCR Tiempo Real (qPCR) en el laboratorio de enfermedades infecciosas del St. Jude Children's Research Hospital y en el LaCIV, respectivamente. En el laboratorio de virología de FAVET se inocularon muestras de tómulas porcinas en células MDCK, realizando pruebas de hemoaglutinación y qPCR para la confirmación de la presencia de VI. **Resultados y discusión:** El análisis indicó una prevalencia de influenza A en aves de un 18,3% (66/360) y a nivel de SPT de un 70% (28/40), no detectando anticuerpos en cerdos. Del total de tómulas analizadas, una de ellas perteneciente a un cerdo fue positiva a cultivo MCDK, hemoaglutinación y qPCR. Aún queda por definir el subtipo viral aislado, sin embargo, se establece la necesidad de acciones de vigilancia de VI en SPT, por el peligro que representan para la salud humana y animal. **Conclusión:** Existe VI-A circulando en poblaciones de aves y cerdos mantenidos en SPT del sector de EY, logrando su aislamiento desde cerdos.

**Agradecimientos:** FONDECYT 11121389 y FIV 121014019102011



## GZ50 - Identificación de *Nosema ceranae* en la V región de Valparaíso, Chile.

Bravo J.<sup>1</sup>, Carbonell V.<sup>1</sup>, Valdebenito JT.<sup>1</sup>, Valdovinos C.<sup>2</sup>, Martín-Hernández R.<sup>3</sup>, Higes M.<sup>3</sup>, Delporte C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de química y ciencias farmacéuticas, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

<sup>2</sup>Centro de estudios de vida silvestre, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Centro Regional de apicultura, Dirección general de producción agrícola, Ministerio de Agricultura Regional de Castilla-La Mancha, Marchamalo, España.

[jessicabravo24@gmail.com](mailto:jessicabravo24@gmail.com)

**Introducción:** La nosemosis causada por *Nosema ceranae* ha sido registrada en apiarios de la Unión Europea (asociada al despoblamiento de colmenas), Estados Unidos y en países de sudamérica Brasil y Argentina. En nuestro país se ha confirmado *N. ceranae* en colmenares de la Región del Bio-bío (Martínez *et al.*, 2010) y se ha analizado la coexistencia *N. ceranae* con virus en colmenares provenientes de la región de Talca (Rodríguez *et al.*, 2012). El presente estudio demostró por primera vez la presencia de *Nosema ceranae* en la V Región de Valparaíso.

**Objetivo:** Identificar parásitos *Nosema ceranae* en la V región de Valparaíso, Chile. **Materiales y métodos:** Las muestras analizadas fueron obtenidas en la Región de Valparaíso, pertenecientes a colmenas de las localidades de San Antonio, Limache y la Ligua. Las muestras obtenidas en grupos de 60 abejas, fueron maceradas y analizadas por microscopía de contraste de fases amplificada a 40x y posteriormente confirmadas por la técnica molecular PCR múltiple.

**Resultados y discusión:** Los resultados obtenidos indicaron que las muestras provenientes de apiarios chilenos fueron positivas a *Nosema ceranae*, mostrando ausencia de *Nosema apis*. En el período de estudio (2011-2012) se produjo la muerte de 2.915 colmenas en la Región de Valparaíso que cuenta con un total de 6.167 colmenas, cifra que corresponde al 47,3% del total. La muerte de colmenas observada en este periodo en la V Región de Chile podría deberse a la presencia de *Nosema ceranae* pudiendo estar asociada a la falta de capacitación en el manejo y control sanitario de las colmenas.



## GZ51 - Implementación de una metodología analítica para la detección de oxitetraciclina en plumas de pollos broiler.

Pokrant E.<sup>1</sup>, Krögh M.<sup>1</sup>, Maddaleno A.<sup>2</sup>, Araya C.<sup>2</sup>, Hidalgo H.<sup>3</sup>, San Martín B.<sup>2</sup>, Cornejo J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva, Unidad Ciencia de los Alimentos, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile. Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago. <sup>2</sup>Departamento de Ciencias Clínicas, Laboratorio de Farmacología Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile. <sup>3</sup>Departamento de Patología Aviar, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

[jacornej@uchile.cl](mailto:jacornej@uchile.cl)

**Introducción:** Las plumas son un subproducto de la industria avícola, utilizadas para la elaboración de harina para alimentación de animales destinados a consumo humano. Estas pueden acumular concentraciones de fármacos en concentraciones elevadas y por periodos más prolongados que los tejidos comestibles de los animales, como músculo e hígado. Esto, aun cuando los periodos de resguardo hayan sido respetados y las concentraciones de residuos en tejidos comestibles estén bajo los LMR o sean no detectables al análisis instrumental. **Objetivos:** Implementar una metodología analítica para detectar y cuantificar: Oxitetraciclina (OTC) y su metabolito 4-epi OTC en plumas. **Materiales y métodos:** Plumaz de pollos broiler, libres de tetraciclinas fueron fortificadas a diferentes concentraciones con estándar analítico certificado y tetraciclina-d6 como estándar interno. Para la extracción del analito desde la matriz se probaron distintos solventes (buffer EDTA Mc-Ilvaine y acetona/buffer EDTA Mc-Ilvaine) y columnas de extracción en fase sólida con relleno Hidrofílico-Lipofílico (OASIS™ HLB) y relleno de base sílice (sep-pak C18). El análisis instrumental se realizó mediante LC-MS/MS (API 4000, AB Sciex), en laboratorio FARMAVET. **Resultados y discusión:** La metodología mediante solventes acetona/buffer EDTA Mc-Ilvain, y columnas OASIS™ HLB presentó mayor recuperación, sobre un 70%. Todas las curvas presentaron un coeficiente de correlación (r) mayor a 0,95. Específicamente: 0,9967 para OTC, y 0,9899 para 4-epi OTC. **Conclusión:** Los resultados demuestran que mediante la metodología analítica implementada es posible detectar OTC y 4-epi OTC en la matriz plumas a partir de 20 µg/kg. Esto permitiría comparar concentraciones detectadas en plumas con las obtenidas a partir de tejidos comestibles (músculo e hígado) de aves tratadas.

**Agradecimientos:** FIV 2013.



## GZ52 - Importancia de leptospirosis en salud veterinaria y producción pecuaria: Estudios convencionales y moleculares en Cundinamarca, Colombia.

Hernández P.<sup>1</sup>, Gómez AP.<sup>2</sup>, Villamil LC.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Director Grupo BIOMIGEN (Biología Molecular e Inmunogenética). Investigador Centro de Investigación CISVI. Departamento de Ciencias Básicas. Carrera 2da No. 10-70 Bloque A 5 Piso.

<sup>2</sup>Investigador Grupo BIOMIGEN, Centro de Investigación CISVI. Facultad de Ciencias Agropecuarias. <sup>3</sup>Investigador Grupo de Epidemiología y Salud Pública. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad de La Salle. Bogotá, Colombia.

[phernandez@unisalle.edu.co](mailto:phernandez@unisalle.edu.co)

**Introducción:** Leptospirosis es una zoonosis de distribución mundial ocasionada por *Leptospira*, espiroqueta que infecta aproximadamente 160 especies animales, constituyéndose en una enfermedad que impacta la salud humana, animal y ambiental. Los bovinos y porcinos presentan diferentes manifestaciones de la infección, que van desde pérdida de animales hasta problemas reproductivos que inciden negativamente en producción. **Objetivo:** El objetivo de los estudios en Cundinamarca se enfoca en utilizar genes de patogenicidad como marcadores moleculares de infección por leptospirosis en bovinos y porcinos; así como, su relación con el historial reproductivo. **Materiales y métodos:** Para esto, se realizaron pruebas microbiológicas, serológicas y moleculares a 200 bovinos y 40 cerdas en fincas ubicadas en Cundinamarca. **Resultados y discusión:** Se encontró que 83 muestras de suero bovino fueron MAT positiva, 73 muestras de orina fueron positivas a *Leptospira* por cultivo microbiológico y 74 fueron positivas a PCR evidenciando una banda de 482pb (*rrl*) que identifica el género *Leptospira*, en 71 de estas muestras (96%) se observó la banda de 423pb (*lip132*) que identifica leptospirosis patógenas y en el 4% se encontró la banda de 240pb (*rrs*) que identifica leptospirosis saprófitas. En los porcinos se encontró que el 77,5% de los sueros fueron MAT positivo, en el 32,5% (13/40) de las muestras de orina porcina se logró aislar *Leptospira* spp observando por PCR una banda de 423pb (*lip132*). Los resultados basados en el historial reproductivo no mostraron relación significativa con la presencia de la bacteria; sin embargo, los animales positivos a *Leptospira* spp. tienen mayor riesgo de presentar alteraciones reproductivas. Los resultados que se presentan en esta investigación concuerdan con reportes de estudios moleculares realizados en otras poblaciones. **Conclusión:** Se concluye que la PCR ofrece una alternativa confiable y rápida como prueba para el diagnóstico de Leptospirosis frente a las técnicas convencionales. Este trabajo se presenta como contribución en la identificación de *Leptospira* spp. en bovinos y porcinos aportando al estudio de una zoonosis de impacto en salud pública y en la industria pecuaria.



## GZ55 - Ocurrencia de *Anaplasma platys* en animales de compañía en Chile.

González-Hein G.<sup>1</sup>, Huaracán B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Bioingentech. Paseo Bulnes 107 of 57, Santiago. Salas 350 Piso 2, Concepción.

[info@bioingentech.com](mailto:info@bioingentech.com)

**Introducción:** *Anaplasma platys* es una bacteria Gram-negativa intracelular obligada responsable de la ehrlichiosis, una importante enfermedad emergente en humanos y animales. Ya que se sabe que *A. platys* es un agente etiológico de la ehrlichiosis canina en Chile. **Objetivo:** Determinar la ocurrencia de *A. platys* en animales de compañía. **Materiales y métodos:** Con este fin se analizaron 226 muestras de sangre (213 de perros y 13 de felinos) recibidas entre Marzo y Junio del 2014 por Bioingentech para la determinación de diversos patógenos. Estas muestras procedieron de la zona centro-sur del país y correspondieron a animales aparentemente sanos y enfermos. Muestras de sangre de 300 microlitros con EDTA o en papel filtro fueron usadas para extraer el DNA, usando el kit de VetPCR *Anaplasma platys* (Bioingentech, Chile). Se realizó la reacción en cadena de la polimerasa PCR usando cebadores específicos para *A. platys* y los controles internos y positivos de nuestro dispositivo diagnóstico VetPCR *Anaplasma platys*. Los productos amplificados fueron analizados por electroforesis de geles de agarosa. El tamaño esperado para el producto de amplificación fue de 230 pares de base (pb) para *A. platys*. **Resultados y discusión:** Se identificó a *A. platys* en el 4,2% (9/213) de las muestras de caninos y en ninguna de las 13 muestras procedentes de gatos detectamos a la bacteria. **Conclusión:** Se concluye así que *A. platys* es un agente que está circulando en la población canina en Chile tanto enferma como aparentemente sana. Surge así la necesidad de considerar a este agente en los paneles diagnósticos rutinariamente e investigar el rol patógeno de las cepas nacionales y la potencial infección a humanos con *A. platys* en Chile.





## GZ56 - Optimización de una metodología analítica para la detección de residuos de oxitetraciclina en garras de pollos broiler.

Araya D.<sup>1</sup>, Maddaleno A.<sup>2</sup>, Araya C.<sup>2</sup>, Hidalgo H.<sup>3</sup>, San Martín B.<sup>2</sup>, Cornejo J.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva Animal, Unidad Ciencias de los Alimentos. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile. Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago. <sup>2</sup>Departamento de Ciencias Clínicas, Laboratorio de Farmacología Veterinaria.

Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

<sup>3</sup>Departamento de Patología Animal, Laboratorio de Patología Aviar. Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

[jacornej@uchile.cl](mailto:jacornej@uchile.cl)

**Introducción:** El uso de antimicrobianos en los sistemas de producción avícola es una herramienta eficaz para el control de las enfermedades infecciosas. Pero cuando no son utilizados de forma adecuada residuos de antimicrobianos pueden permanecer en los productos y subproductos. Las garras de aves son un subproducto que por sus características estructurales favorece la persistencia de tetraciclinas en concentraciones mayores y por tiempos más prolongados que los tejidos comestibles de las aves, siendo potenciales fuentes de reingreso de antimicrobianos a la cadena alimenticia. **Objetivos:** Optimizar una metodología analítica para la detección y cuantificación de oxitetraciclina (OTC) en garras de aves por LC-MS/MS. **Materiales y métodos:** Garras libres de residuos fueron fortificadas en cinco concentraciones (20 a 160 mg/kg), con estándar analítico certificado de OTC y tetraciclina-d6 como estándar interno. Se optimizó una metodología descrita para la detección de tetraciclinas en músculo, comparándose seis adaptaciones: extraer aplicando o no reactivo de hidrólisis TCEP, *clean up* con hexano, centrifugación a 0°C, columna de fase sólida (OASIS HLB) y columna de base sílice (Sep-pak C18). El análisis instrumental se realizó mediante LC-MS/MS (API 4000, AB Sciex), en laboratorio FARMAVET. **Resultados y discusión:** El uso de la centrifugación a 0°C más la extracción con columna C18 obtuvo mejor porcentaje de recuperación ( $\bar{x}$  115,7%) y coeficiente de correlación sobre 0,98 en las curvas fortificadas. Mientras que el uso de TCEP no mejoró la recuperación comparado con las muestras no hidrolizadas ( $\bar{x}$  111,9%), la regresión lineal de las curvas de calibración estuvo debajo del rango aceptable ( $R^2 \bar{x}$  0,8883). **Conclusión:** La metodología para analizar OTC en garras de pollos utilizando *clean up* por centrifugación a 0°C y columna C18 mostro resultados satisfactorios, al permitir una adecuada recuperación de los analitos y curvas de calibración lineales en un rango de 20 a 160  $\mu\text{g}/\text{kg}$ .

**Agradecimientos:** U-inicia 2013.



## GZ57 - Persistencia de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* en purín de lechería bovina después de la aplicación de tratamientos químicos.

Avilez C.<sup>1</sup>, Salgado M.<sup>1</sup>, Alfaro Encina C.<sup>1</sup>, M.<sup>2</sup>, Salazar F.<sup>2</sup>, Meyer L.<sup>2</sup>, Collins M.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Paratuberculosis, Universidad Austral de Chile, Edificio Instapanel, Campus Isla Teja, Valdivia. <sup>2</sup> Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA Remehue). <sup>3</sup> Department of Pathobiological Sciences, School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, USA. [miguelsalgado@uach.cl](mailto:miguelsalgado@uach.cl)

**Objetivo:** Determinar la efectividad de diferentes tratamientos químicos para disminuir la presencia y viabilidad de *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*. **Materiales y métodos:** Se colectó purín naturalmente contaminado con MAP desde una lechería comercial. Se distribuyeron submuestras de purín en frascos de vidrio y se trataron con los siguientes químicos: 3% CaO; 0,5% NaOH; 0,087% H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; 0,11% H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; 0,14% H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 1% KMnO<sub>4</sub> and 2,5% KMnO<sub>4</sub>. Se almacenaron a temperatura ambiente y fueron evaluados a 0, 24, y 72 h, y 7, 15, 30 y 60 días para viabilidad de MAP usando el sistema de cultivo líquido BACTEC MGIT 960. Los tubos positivos fueron confirmados mediante PCR en tiempo real IS900. Las características básicas físico-químicas del purín también fueron evaluadas. **Resultados y discusión:** El tratamiento de CaO (cal) incrementó el pH del purín (7 a 12 pH) resultando en una reducción significativa de la sobrevida de MAP posterior a las 72 h de tratamiento. El tratamiento con 2,5% KMnO<sub>4</sub> eliminó completamente MAP viables en el purín tratado. Los tratamientos ácidos no tuvieron un efecto en la sobrevida de MAP. **Conclusión:** Bajo condiciones experimentales, este estudio sugiere métodos prácticos efectivos para el control de MAP en purín. Los tratamientos de cal y KMnO<sub>4</sub> destacaron por ser efectivos, siendo además asequibles y amigables con el medio ambiente en las concentraciones usadas. Esta información podría ser incorporada dentro de las recomendaciones de manejo de purines en las lecherías.



## GZ58 - Personas mordidas por perros, utilizando un sistema de información geográfica en la ciudad de San Fernando, Chile.

Rojas C.<sup>1</sup>, Vera J.<sup>2</sup>, Lüders C.<sup>1</sup>, Cornejo P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Católica de Temuco. Manuel Montt 056. Temuco.

<sup>2</sup>Hospital San Juan de Dios. San Fernando.

[crojas@uct.cl](mailto:crojas@uct.cl)

**Objetivos:** Caracterizar las personas mordidas por ataques de perros de San Fernando. Identificar los factores de riesgo y la distribución geográfica de los ataques. **Materiales y métodos:** Se obtuvieron los registros de egreso hospitalario y vacunación del hospital San Juan de Dios del año 2011. Los afectados fueron entrevistados y mediante un dispositivo de posicionamiento global se logró construir la cartografía de interés usando el software ARCGIS 9. Los datos fueron analizados mediante estadística descriptiva y presentada en forma de tasas prevalentes, porcentajes, rangos, medias y moda. **Resultados y discusión:** El 57,14% (n=52/91) de los afectados son de sexo masculino. El 29,67% del total tiene entre 1 y 10 años de edad; con un tipo de lesión punzante (73,6%) y única (74%), preferentemente en los miembros inferiores (54,93%). Generalmente, la lesión es lavada con agua en casa y atendida de forma inmediata en centro de urgencias. El 70% recibió vacunación antirrábica y solo un 55% completó el protocolo de vacunación. El 96% de los ataques ocurrió en vía pública, durante la noche (47,25%) y en época estival (21,98%). El 66% ocurre en las zonas de conjuntos habitacionales recientes y del casco histórico de la ciudad. Por un perro sin sujeción, mestizo (79,92%), macho (29,67%), de tamaño mediano (47,25%) y edad adulta (40,66%), que ataca sin causa aparente en el 79,12% de los casos. **Conclusiones:** Este estudio demuestra que la caracterización de los afectados y el análisis de sus relatos son insumos valiosos para generar medidas de concientización pública y de control dirigido canino.



## GZ60 - Prevalencia de *Fasciola hepatica* en corderos provenientes de la zona centro y sur de Chile (PABCO), beneficiados en una planta faenadora de carnes.

Cuevas B.<sup>1</sup>, Allende R.<sup>1</sup>, Monsalve M.<sup>1</sup>, Landaeta-Aqueveque C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chile. Vicente Méndez 595, Casilla 537. Chillán.  
[clandaeta@udec.cl](mailto:clandaeta@udec.cl)

**Objetivo:** Estimar el efecto de la latitud, época del año y temporada en la prevalencia de *Fasciola hepatica* en corderos provenientes de predios PABCO-UE, provenientes de la zona centro y sur de Chile, beneficiados en una planta faenadora de carnes de la región del Biobío.

**Materiales y métodos:** Se utilizaron los registros de 123.769 corderos provenientes de predios PABCO-UE, beneficiados en una planta faenadora de carnes de la Región del Bio-Bío, abarcando los años 2008 a 2012. Mediante regresión logística los datos se analizaron según, latitud de procedencia, temporada y semana de faenamiento (SF). En cada temporada, la semana 1 es la primera semana de septiembre y la semana 38 es última semana de mayo del año siguiente. Los datos incluyeron 54 localidades distribuidas entre las regiones de Valparaíso y Aysén.

**Resultados y discusión:** Las prevalencias regionales variaron entre 0% (Araucanía) y 3,7% (Biobío). La prevalencia de *F. hepatica* se incrementó hacia el sur (OR Latitud=1,20; P<0,001) y conforme llega el otoño (OR SF=1,25; P<0,001), y fue significativamente más baja la temporada 2011-2012 (ORs Temporadas>48; P<0,001). La menor prevalencia durante esta temporada se puede atribuir al evento “La Niña”, con temperaturas más bajas y menos precipitaciones. La prevalencia baja a inicios de cada temporada se puede explicar por la poca exposición al parásito a temprana edad. Luego, la prevalencia se incrementó conforme pasaron las semanas. La carencia de registros impidió evaluar este parasitismo en invierno; sin embargo, los datos, hasta la semana 38 mantienen la tendencia creciente. Son necesarios nuevos estudios para dicha evaluación. Los resultados sugieren replantear los programas de desparasitación a nivel local. Considerando que se trata de una zoonosis, son necesarios también nuevos estudios desde esa perspectiva. **Conclusiones:** La fasciolosis presentó mayores prevalencias hacia el sur y terminando la temporada, y menor prevalencia durante la influencia de “La Niña”.



## GZ61 - Producción de *slime* y formación de *biofilm* en cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de mastitis clínica en predios lecheros de Chile.

Quiroga J.<sup>1</sup>, Molina M.<sup>1</sup>, Cartes D.<sup>1</sup>, Vidal S.<sup>1</sup>, Sáenz L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Vacunas Veterinarias, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.

[leosaenz@uchile.cl](mailto:leosaenz@uchile.cl)

**Introducción:** Ciertas cepas de *Staphylococcus aureus* causantes de mastitis bovina son capaces de producir un polisacárido extracelular viscoso (*slime*), el cual promueve la adhesión a células epiteliales y protege a las bacterias de la opsonización y fagocitosis. Algunas de estas cepas forman *biofilm* en la glándula mamaria, lo que explicaría las frecuentes fallas en la terapia antimicrobiana y cronicidad de las infecciones. **Objetivos:** Determinar la producción de *slime* y *biofilm*, y caracterizar algunos factores de virulencia asociados a su producción en cepas de *S. aureus*. **Materiales y métodos:** Se aislaron 15 cepas de *S. aureus* desde vacas con mastitis clínica, determinándose en ellas la producción de *biofilm* mediante cultivo en placas de poliestireno y producción de *slime* mediante siembra en Agar Rojo Congo (CRA). La caracterización de genes asociados se realizó mediante PCR. **Resultados y discusión:** Mediante ensayo en placa, la producción de *biofilm* fue caracterizada como fuerte, moderada y débil en 1 (6,7%), 12 (80%) y 2 (13,3%) cepas, respectivamente. Sólo la cepa que mostró fuerte producción de *biofilm* en placa fue fenotípicamente positiva a *slime* en CRA. Se detectó la presencia de los genes capsulares *cap5* y *cap8* en 12 (80%) y 1 (6,67%) cepa, respectivamente, adhesina intercelular *icaA* e *icaD* en 13 (86,67%) y 12 (80%) cepas, respectivamente, *sdrC* (proteína de unión a sialoproteína ósea) en 13 (86,67%) cepas y *spa* (proteína A) en 13 (86,67%) cepas. Las 2 cepas débilmente productoras de *biofilm* fueron negativas a *icaA*, *icaD*, *spa* y *sdrC*, mientras la cepa fuertemente productora de *biofilm* fue negativa a *icaD* y positiva a *cap8*. **Conclusiones:** La producción de *biofilm* sería determinada por la combinación de varios genes codificantes de factores de superficie ligados a adhesión celular y agregación bacteriana. La siembra en CRA sólo permitiría detectar la producción de *slime* en cepas fuertemente productoras de *biofilm*.

**Agradecimientos:** Proyecto FIA-PYT-0055-2012.



## GZ62 - Programa de control de *Mycoplasma* en aves.

González A.<sup>1</sup>, Pezoa A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Servicio Agrícola y Ganadero

[alvaro.gonzalez@sag.gob.cl](mailto:alvaro.gonzalez@sag.gob.cl)

**Introducción:** El Programa de control de *Mycoplasma* (*M. synoviae*, MS, *M. gallisepticum*, MG y *M. meleagridis*, MM) se inició en el año 2009 y está basado en el muestreo de sueros colectados bajo responsabilidad de médicos veterinarios privados y análisis realizados en laboratorios autorizados mediante la técnica de ELISA. **Objetivo:** Establecer un programa de control de *Mycoplasma* que permita producir aves de un día libres de estos agentes y favorecer un proceso exportador de genética. **Materiales y métodos:** Las poblaciones de aves incluidas en el programa son aquellas suscritas al Programa PABCO. Los muestreos de sangre se realizan a las 16, 28, 40, 52 y 64 semanas de edad, en todas las granjas de abuelas, reproductoras broilers, livianas y de pavos incluyendo todos los sectores y pabellones. El número total de muestras por unidad epidemiológica es de 60, salvo para MM que son 75. Las muestras reaccionantes a ELISA se confirman mediante IHA. La identificación del agente se hace por PCR tras un muestreo de hisopados. **Resultados y discusión:** El total de muestras analizadas el año 2013 fueron de 19.080 para MS y MG y 4.876 para MM. Se registraron 307 reaccionantes para MS, de los cuales 148 fueron positivas en la prueba de Inhibición de la Aglutinación (IHA). A su vez, del total de muestras analizadas para MG, 107 fueron reaccionantes a la prueba de ELISA las cuales, al realizar la prueba confirmatoria fueron 12 reaccionantes a la prueba de IHA pero negativas a PCR. En el caso de las muestras para MM todas fueron negativas. **Conclusiones:** Los resultados del año 2013 mostraron que MS sigue siendo el *Mycoplasma* predominante en Chile. Se observó la presencia de reaccionantes a MG y ausencia de MM.



## GZ64 - Serología de agentes infecciosos abortigénicos durante la gestación de vacas en dos lecherías de la provincia de Ñuble.

Merino J.<sup>1</sup>, Junod T.<sup>1</sup>, Lopez-Martin J.<sup>1</sup>, Ortega R.<sup>1</sup>, Gädicke P.<sup>1</sup>, Cid-Moya K.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento Patología y Medicina, Facultad Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Av. Vicente Méndez 595, Chillán. <sup>2</sup>Asesoría estadística en proyectos de investigación científica.

[josebamerino@udec.cl](mailto:josebamerino@udec.cl)

**Objetivos:** Determinar la curva de anticuerpos para el componente infeccioso del SAB (Síndrome de Aborto Bovino) en vacas de dos lecherías de la Provincia de Ñuble. Relacionar serología obtenida con componentes infecciosos de SAB. **Materiales y métodos:** Se realizó estudio de cohorte prospectivo observacional para determinar el componente infeccioso de 103 vacas de dos lecherías, desde los 42 días de gestación hasta su parto o aborto. Se determinó la curva de anticuerpos, seropositividad y seroconversión para diarrea viral bovina (BVDV), neosporosis (NEO), leptospirosis (LEPTO), y brucelosis (BRU), mediante ELISA, MAT y Rosa de Bengala. Análisis de resultados mediante ANOVA, regresión logística y regresión de Cox (Stata 12). **Resultados y discusión:** Del total de casos estudiados hubo 13 abortos, 7 presumiblemente infecciosos. Durante la gestación, se observa una frecuencia importante de vacas con títulos altos de BVDV y NEO en el muestreo anterior a su aborto. Conociendo que el riesgo de aborto aumenta cuando el título de anticuerpos es mayor, este evento podría convertirse en un potencial indicador de aborto en ganado bovino (Milton, 1996). Para NEO se observó una probabilidad y riesgo de aborto en vacas seropositivas (OR=6,4) (HR=4,2) y que seroconvirtieron (OR=1,7) (HR=1,5) superior a lo encontrado por Hernandez y col. (2002). En BVDV un mayor riesgo de aborto fue para seropositividad (HR=10,2). **Conclusión:** *Neospora caninum* se identificó como patógeno importante en SAB. A pesar del control por vacunación, BVDV sigue siendo un problema. La seroconversión es útil en detección de potenciales abortos infecciosos.

**Agradecimientos:** Proyecto FONDECYT 11110090.



## GZ66 - Uso de herramientas espaciales para el diseño de programas de vigilancia de agentes zoonóticos de alto impacto en sistemas productivos de traspatio.

Alegría-Morán R.<sup>1,2</sup>, Di Pillo F.<sup>1,2</sup>, Bravo N.<sup>1,2</sup>, Hamilton-West C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile, Chile. <sup>2</sup>Programa Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Universidad de Chile, Chile.

[christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl](mailto:christopher.hamilton@veterinaria.uchile.cl)

**Objetivos:** Aplicar herramientas espaciales para optimizar el diseño y logística de actividades de vigilancia de agentes zoonóticos en sistemas productivos de traspatio (SPT). **Materiales y métodos:** i) Se aleatorizaron 329 puntos de muestreo en 15 provincias de la zona central de Chile utilizando ArcGis 10®, donde se busca identificar SPT que mantengan aves y cerdos. ii) Los puntos fueron validados en una primera etapa mediante GoogleEarth®, en base a condiciones compatibles con la presencia de SPT en un radio de 5km desde cada punto. iii) Se realizó la identificación en terreno de SPT. **Resultados y discusión:** Del total de puntos aleatorios, más del 70% de estos fueron localizados correctamente (en sitios factibles de realizar muestreo). En las provincias de Cachapoal, Chacabuco, Petorca y San Felipe, menos del 50% de los puntos se localizaron en zonas muestreables. Del total de SPT muestreados a la fecha, solo en las provincias de Maipo, Melipilla, Talagante y Valparaíso se ha observado la situación de no localizar SPT dentro de un radio de 5 km del punto aleatorio. Dado el desconocimiento sobre la ubicación específica de SPT, su identificación representa un alto costo en actividades de vigilancia de patógenos. El uso de herramientas espaciales se posiciona como un elemento de apoyo a la gestión sanitaria. **Conclusión:** Esta aproximación permite incrementar la eficiencia de las actividades de terreno, disminuyendo el costo y tiempo utilizado en localizar unidades a muestrear de forma aleatoria en el espacio.

**Agradecimientos:** Proyecto FONDECYT 11121389.





## GZ67 - Validación de kits de ELISA para diagnóstico de *Mycoplasma sp.* en aves.

González A.<sup>1</sup>, Pezoa A.<sup>1</sup>, Martínez M.<sup>2</sup>, Hidalgo H.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Servicio Agrícola y Ganadero. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias  
[alvaro.gonzalez@sag.gob.cl](mailto:alvaro.gonzalez@sag.gob.cl)

**Introducción:** El Programa de control de *Mycoplasma spp.* (*M. Synoviae*, MS, *M. Gallisepticum*, MG y *M. meleagridis*, MM), está basado en el muestreo de sueros que son analizados en laboratorios autorizados mediante la técnica de ELISA. **Objetivo:** Validar kits comerciales de ELISA para diagnóstico de *Mycoplasma sp.* para incorporarlos en el programa de control oficial. **Materiales y métodos:** Los Kits analizados fueron ocho, tres para MS, cuatro para MG y uno para MM. Todos los kits eran indirectos excepto uno que era de competencia. Se utilizaron 376 muestras para el análisis de MS (188 reaccionantes / no reaccionantes) y MG (190 reaccionantes / 186 no reaccionantes) y 212 muestras para el análisis del kit contra MM (194 no reaccionantes / 18 reaccionantes). Todas las muestras provenían de aves libres excepto las muestras reaccionantes a MM se obtuvieron de un laboratorio de referencia. Los sueros fueron analizados previamente mediante la prueba de Inhibición de la Hemoaglutinación (IHA). El estudio fue realizado en el Laboratorio de Patología Aviar de FAVET mediante la evaluación individual de cada kit, según especie y laboratorio y para cada *Mycoplasma*. Los reactivos fueron analizados en el mismo equipo y analistas. Los parámetros analizados fueron sensibilidad y especificidad diagnóstica, prevalencia verdadera y aparente, valores predictivos positivos y negativos, valores Cohen-Kappa y Curvas ROC. Se usaron los programas Win Episcopo 2.0 y STATA 11. El nivel de confianza fue del 95%. **Resultados y discusión:** Ningún kit analizado tuvo sensibilidad y especificidad diagnóstica perfecta. Los valores de predictividad fueron variables siendo mejores para el valor positivo. En cuatro casos debió optimizarse el punto de corte. **Conclusión:** Todos los kits evaluados, con excepción del realizado para MM, fueron validados.



## GZ68 - Variabilidad genómica de la región Fsp del gen de la proteína de fusión del virus distemper canino.

Vera C.<sup>1</sup>, Briceño C.<sup>1</sup>, Pizarro J.<sup>1</sup>, Navarro C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Medicina Preventiva, Facultad de Cs. Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile.  
[canavarr@uchile.cl](mailto:canavarr@uchile.cl)

**Objetivo:** Realizar un análisis comparativo y filogenia de las secuencias nucleotídicas de algunas cepas de campo presentes en la región metropolitana y secuencias conocidas de la región variable del gen de la proteína F, para determinar preliminarmente la variación genómica de la región Fsp del gen de la proteína F del Virus Distemper Canino (VDC). **Materiales y métodos:** Este trabajo se realizó en el Departamento de Medicina Preventiva Animal de la Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias de la Universidad de Chile. Para determinar la variabilidad de las cepas de campo en comparación con las vacunas y las cepas de otros linajes, se analizó la variabilidad genómica de la región Fsp del gen de la proteína de fusión de VDC. Para esto, se implementó una técnica de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción reversa (RT-PCR) capaz de amplificar esta región variable, la cual fue identificada mediante secuencia nucleotídica. Se consideró positiva toda aquella muestra del RT-PCR que originó un fragmento de alrededor de 500 pb y confirmación de su identidad nucleotídica mediante el programa BLAST. Estas secuencias se compararon con cepas vacunales y con cepas de campo de los linajes conocidos. Además, mediante el método “neighbor-joining” se construyó un árbol filogenético para esta región variable. **Resultados y discusión:** La comparación de nucleótidos arrojó como resultado que las secuencias de las cepas de campo tienen mayor homología a la cepa vacunal Onderstepoort y según la filogenia pertenecerían al linaje América 1. **Conclusión:** La región Fsp es un buen indicador para realizar filogenia del VDC ya que, al ser una región más acotada que el gen H, nos permitiría realizar una clasificación más rápida y certera de las cepas circulantes de VDC en cada región geográfica.

**Agradecimientos:** Al Proyecto FIV 121014019102010 y al Proyecto AUCAI 2014 por financiar esta empresa.



## GZ69 - Verificación de un método alternativo para la detección de *Salmonella spp.* en matrices de alimentos.

Riquelme V.<sup>1</sup>, Lapierre L.<sup>1</sup>, Vidal M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, U. de Chile. Av. Santa Rosa 11735, La Pintana, Santiago, Chile. <sup>2</sup>SEREMI de Salud RM.

[vriquelme.vet@gmail.com](mailto:vriquelme.vet@gmail.com)

**Objetivos:** Verificar en el Laboratorio de Salud Pública Ambiental y Laboral de la SEREMI de Salud Región Metropolitana, el método analítico VIDAS® Easy *Salmonella*, para la detección de *Salmonella spp.*, en diferentes matrices de alimentos, como carnes de ave, cecinas, mariscos y hortalizas, y estimar la concordancia de los resultados con la técnica de siembra en agar selectivo XLD. **Materiales y métodos:** Se analizaron 48 muestras de cuatro matrices de alimento (12 de cada una), siendo 10 de ellas contaminadas experimentalmente, con una cepa de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium ATCC 14028. Todas las muestras, contaminadas y no contaminadas, fueron analizadas por el método VIDAS® Easy *Salmonella*, según las indicaciones del fabricante. El criterio de aceptación del método alternativo en cada matriz, fue la detección positiva del 100% de las muestras inoculadas. Se utilizó el coeficiente estadístico Kappa (k), para determinar la concordancia existente entre el método alternativo y la siembra en agar XLD. **Resultados y discusión:** Los resultados obtenidos en las muestras de carne de pollo, mariscos, hortalizas y cecinas, arrojaron un 100% de concordancia (k = 1) entre el método alternativo y la siembra en agar XLD. Se recomienda el uso del método VIDAS® Easy *Salmonella* en todas las matrices analizadas. **Conclusión:** El método alternativo VIDAS® Easy *Salmonella*, puede ser utilizado como método de *screening* en muestras de carne de pollo, mariscos, cecinas y hortalizas.



## GZ70 - Descripción demográfica y de algunos indicadores de tenencia responsable de la población canina en la comuna de Chillán.

Rivera-Ramírez PA.<sup>1</sup>, Espinoza I.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Iberoamericana de Ciencias y Tecnología, Padre Miguel de Olivares 1620, Santiago.

<sup>2</sup>Universidad de Concepción.

[rivera@uibero.cl](mailto:rivera@uibero.cl)

**Objetivos:** Caracterizar la población canina de Chillán y evaluar la tenencia responsable de mascotas (TRM). **Materiales y métodos:** Se realizó una estimación de la población canina, utilizando el método encuesta entrevista, con encuesta diseñada por “Veterinarios sin Fronteras” (ONG), en el año 2009. Se realizaron 204 encuestas a viviendas, en 8 distritos censales, en manzanas escogidas al azar. El tamaño muestral se determinó en base al software EPI INFO 6.04, nivel de confianza de 95%, con margen de error 7.5%. **Resultados y discusión:** Se encontraron en 2011, 28.832 perros, superior a los 27.605 de 2005, 108 viviendas (52.9%) poseían al menos un perro, razón hombre/perro de 6,1:1, sin diferencia significativa ( $p \geq 0.05$ ) entre número de machos y hembras, la mayoría de los caninos se encontraba entre los 1 a 8 años de edad, mestizos. Un 30,3% del total de la población canina, nunca había recibido atención MV y en hembras, el método anticonceptivo usado correspondió al confinamiento (61,7% del total de perras con control reproductivo). Había irregular atención MV, desparasitaciones (interna y externa) y vacunaciones (antirrábica y mono o polivalente). El número de perros tratados fue razonable, pero sin respetar la frecuencia de desparasitaciones y vacunaciones recomendada. Uso de sujeción al pasear irregular, con alimentación básicamente de concentrado. En indicadores de TRM, 57,4% de viviendas presentaban malas prácticas de TRM, siendo el distrito peor evaluado (en escala del 1 al 10) Cementerio (3,0) y el mejor Plaza de Armas (6,5). **Conclusiones:** Este es el primer estudio censal de la población canina de Chillán, que incluye una evaluación de TRM, concluyéndose que a pesar de ser la razón principal de tenencia la de compañía, el manejo reproductivo es deficiente (principalmente aplicado en hembras y es confinamiento), junto con una atención MV irregular.



## GZ71 - Aplicación de un modelo para estimar la concentración total de dioxinas y DL-PCBs en la producción de carne de cerdo en Chile.

Valdovinos, C.E.<sup>1,2</sup>, Bustos-López, C.<sup>3</sup>, Samsing, F.<sup>4</sup>, Schoffer J.T.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Tercer Tribunal Ambiental. <sup>2</sup>Instituto de Filosofía y Ciencias de La Complejidad (IFICC). <sup>3</sup>Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás. <sup>4</sup>Sustainable Aquaculture Laboratory – Temperate and Tropical (SALTT), Department of Zoology, University of Melbourne. <sup>5</sup>Escuela de Medicina Veterinaria. Universidad Mayor.

[cvaldovinos@gmail.com](mailto:cvaldovinos@gmail.com)

**Objetivos:** Desarrollar un modelo para estimar la concentración total o  $C_{Total}$  de dioxinas (PCDD), furanos (PCDF) y bifenilos policlorados similares a dioxinas (DL-PCBs) en la carne de cerdo.

**Materiales y métodos:** El modelo fue aplicado utilizando las categorías de materias primas o insumos, que conforman dos dietas de referencia para la producción de cerdos en Chile. Muestras de dichas materias primas fueron analizadas para detectar la presencia de PCDD/Fs y DL-PCBs mediante el bioensayo EROD/H4IIE (determinación de la actividad de 7-etoxiresorufina-O-deetilasa en la línea celular de hepatoma de rata H4IIE).

**Resultados y discusión:** Los resultados obtenidos mediante el bioensayo fueron utilizados para modelar la acumulación a través de la ingesta, considerando diferentes porcentajes de absorción de estos contaminantes. En todos los casos considerados, se observó una disminución de  $C_{Total}$  cuando el ciclo productivo se extendió hasta los 220 días. Se propuso la utilización de valores de riesgo para cada categoría de insumos incorporada en la dieta. Dichos valores se presentaron en 4 niveles según la concentración de PCDD/FS y DL-PCBs estimada en la carne de cerdo al momento de la faena.

**Conclusiones:** Los resultados de la simulación para ambas dietas, indicaron un nivel de riesgo muy alto para las materias primas de origen vegetal y mineral. Para los aceites vegetales y ácidos grasos de origen animal el nivel de riesgo fue alto, no obstante, harinas de origen animal, aglomerantes y antiaglutinantes, productos lácteos y premezclas presentaron un riesgo bajo.

**Agradecimientos:** Dr. Donald Tillitt, Diane Nicks y Mike Tanner de Columbia Environmental Research Center (CERC), U.S. Geological Survey. Dres. Pedro Cattán y Carla Delporte. Christopher Riley y la Comisión Nacional de Ciencia y Tecnología (CONICYT).



## GZ72 – Identificación molecular del agente causal de ehrlichiosis canina en Arica.

López, J.<sup>1</sup>, Abarca, K.<sup>2</sup>, Tejeda, C.<sup>3</sup>, Martínez, C.<sup>2</sup>, Azócar, T.<sup>2</sup>, Weitzel, T.<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Hospital Veterinario Puente Alto. <sup>2</sup>Facultad de Medicina y Laboratorio Infectología Pontificia Universidad Católica de Chile. <sup>3</sup>Clínica Veterinaria San Javier, Arica. <sup>4</sup>Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo.

[javievet@gmail.com](mailto:javievet@gmail.com)

**Introducción:** La ehrlichiosis, afección transmitida por la garrapata café del perro *Rhipicephalus sanguineus*, puede ser causada por diversos agentes de los géneros *Ehrlichia* y *Anaplasma*, los que varían en distintas zonas geográficas. Se ha confirmado por métodos moleculares y publicado la presencia de *Ehrlichia canis* en un canino de la ciudad de Arica. Diversos estudios no han detectado a este agente en caninos de la Región Metropolitana (RM). Diferencias en las manifestaciones clínicas de caninos de Arica comparadas con los de RM apoyan que éste sería el agente causal de la ehrlichiosis canina en esta ciudad del norte de Chile. **Objetivo:** Identificar el/los agente/s causal/es de la ehrlichiosis canina en perros de Arica con sospecha clínica. **Materiales y métodos:** Se enrolaron 26 caninos con manifestaciones sugerentes de ehrlichiosis y presencia o antecedentes de garrapatas. Se tomó una muestra de sangre para determinación de anticuerpos anti-*Ehrlichia canis* y anti-*Anaplasma phagocytophilum* por inmunofluorescencia (Fuller Lab) y PCR genérica para *Anaplasma/Ehrlichia* con posterior PCR específica y secuenciación de los casos positivos. **Resultados y discusión:** Se encontraron anticuerpos anti-*Ehrlichia canis* en 10 caninos (38,5%) y anti-*Anaplasma sp* en 7 (27%). De los 10 caninos seropositivos a *Ehrlichia canis* se identificó este agente por métodos moleculares en 3 (30%). En ninguno de los 7 caninos seropositivos a *Anaplasma sp* se identificó un agente por PCR, 4 de ellos tenían también serología positiva a *Ehrlichia canis*. **Conclusiones:** Se confirma a *Ehrlichia canis* como agente causal de la ehrlichiosis canina en la ciudad de Arica. La seropositividad a *Ehrlichia canis* parece ser un buen indicador de dicha etiología en esta ciudad. En cambio, la seropositividad a *Anaplasma sp*. no parece indicar la presencia de un agente de este género, pudiendo tratarse de reacciones cruzadas a *Ehrlichia canis* o a otros agentes no identificados en este estudio.

**Agradecimientos:** Proyecto FONDECYT 1100817

