

# IMPLICANCIAS EPIDEMIOLÓGICAS DEL ANÁLISIS GENÓMICO DEL VIRUS DEL DISTEMPER CANINO EN UN BROTE EN ZORROS DEL NORESTE ARGENTINO

Yanina Panzera<sup>1</sup>, Ricardo E. Gürtler<sup>2,3</sup>, Gabriela Nicosia<sup>3</sup>, Escardó, Josefina<sup>1</sup>, Grecco, Sofía<sup>1</sup>, Lucía Inés Rodríguez-Planes<sup>8,9</sup>, Ana Cristina Bratanich<sup>4</sup>, Andrea Marcos<sup>5</sup>, Aristóbulo Maranta<sup>6</sup>, Ruben Perez<sup>1</sup>, Danilo Bucafusco<sup>4,7</sup>

1 Universidad de la República, Facultad de Ciencias, Instituto de Biología, Sección Genética Evolutiva. Montevideo, Uruguay. 2 Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Laboratorio de Eco-epidemiología, Buenos Aires, Argentina. 3 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-Universidad de Buenos Aires. Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (IEGEBA), Buenos Aires, Argentina. 4 Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Virología, Buenos Aires, Argentina. 5 Dirección Nacional de Sanidad Animal, Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA).

6 Parque Nacional El Palmar, Administración de Parques Nacionales, Ubajay, Entre Ríos, Argentina. 7 CONICET-Universidad de Buenos Aires, Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA). 8 Dirección Regional Patagonia Austral, Administración de Parques Nacionales, San Martín 1395, Ushuaia, Tierra del Fuego AIAS

9 Instituto de Ciencias Polares, Ambiente y Recursos Naturales, Universidad Nacional de Tierra del Fuego, Walanika 251, Ushuaia, Tierra del Fuego AIAS

Contacto: [dbucafusco@fvet.uba.ar](mailto:dbucafusco@fvet.uba.ar)

## Contexto

En diciembre de 2017, el Parque Nacional El Palmar (Entre Ríos, Argentina) registró una drástica disminución en la población de *Cerdocyon thous*, con signos neuroológicos compatibles con infección por virus del distemper canino (CDV).



Ph: Augusto Fumagalli

## Detección

A comienzos de 2018, un zorro afectado fue remitido para diagnóstico diferencial de rabia (SENASA), resultando negativo. Posteriormente, el análisis por RT-PCR confirmó infección por CDV. Este hallazgo coincidió con un brote severo en perros domésticos de localidades cercanas, lo que sugiere un evento de spillover desde perros hacia la fauna silvestre.

## Caracterización genómica

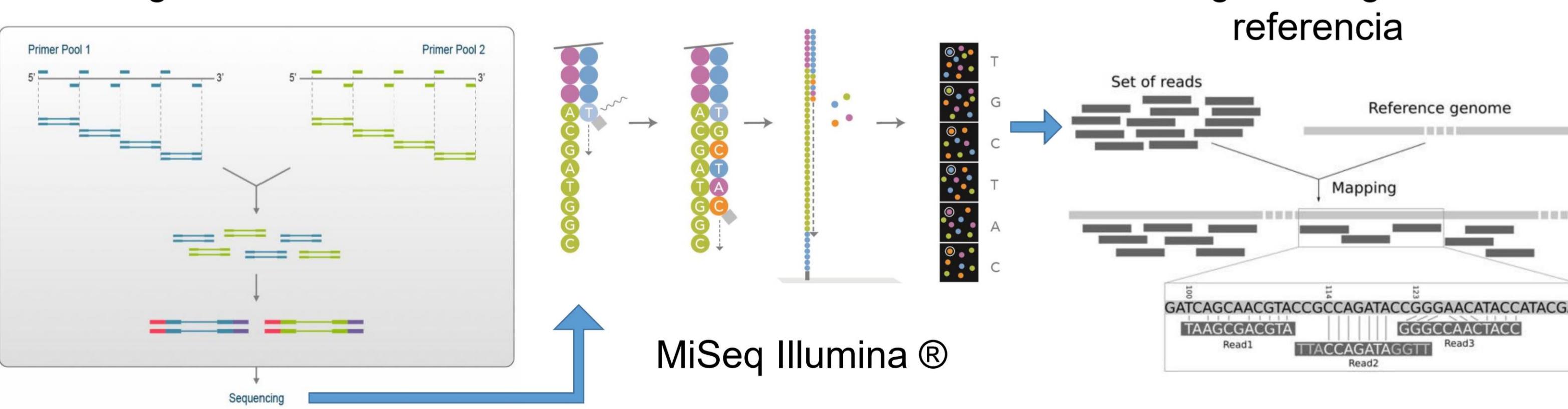
Se extrajo ARN total a partir de tejido cerebral utilizando un kit de purificación de ácidos nucleicos. El ARN fue sometido a retrotranscripción empleando transcriptasa reversa y cebadores específicos para CDV. Posteriormente, se aplicó un esquema de multiplex-PCR en formato de amplicones solapados que cubren la totalidad del genoma viral.

Los productos amplificados fueron sometidos a secuenciación de nueva generación (NGS, plataforma Illumina). El ensamblado de las lecturas contra un genoma de referencia permitió la recuperación de un genoma con una cobertura del 98,3% (15.248 nucleótidos), con una profundidad promedio de 9931 conteniendo todas las regiones codificantes de mismo.

Múltiples PCRs generan amplicones solapados barriendo la totalidad del genoma viral

Se secuencian todas moléculas ADN amplificadas de modo inespecífico

Las lecturas se procesan mediante bioinformática para ensamblar aquellas con homología a un genoma de referencia



## Data set y análisis filogenético

Se confeccionó un data set con 66 genomas completos de CDV obtenidos de GenBank, representando distintos orígenes geográficos, especies hospedadoras y linajes, con énfasis en aislamientos sudamericanos y de cánidos silvestres.

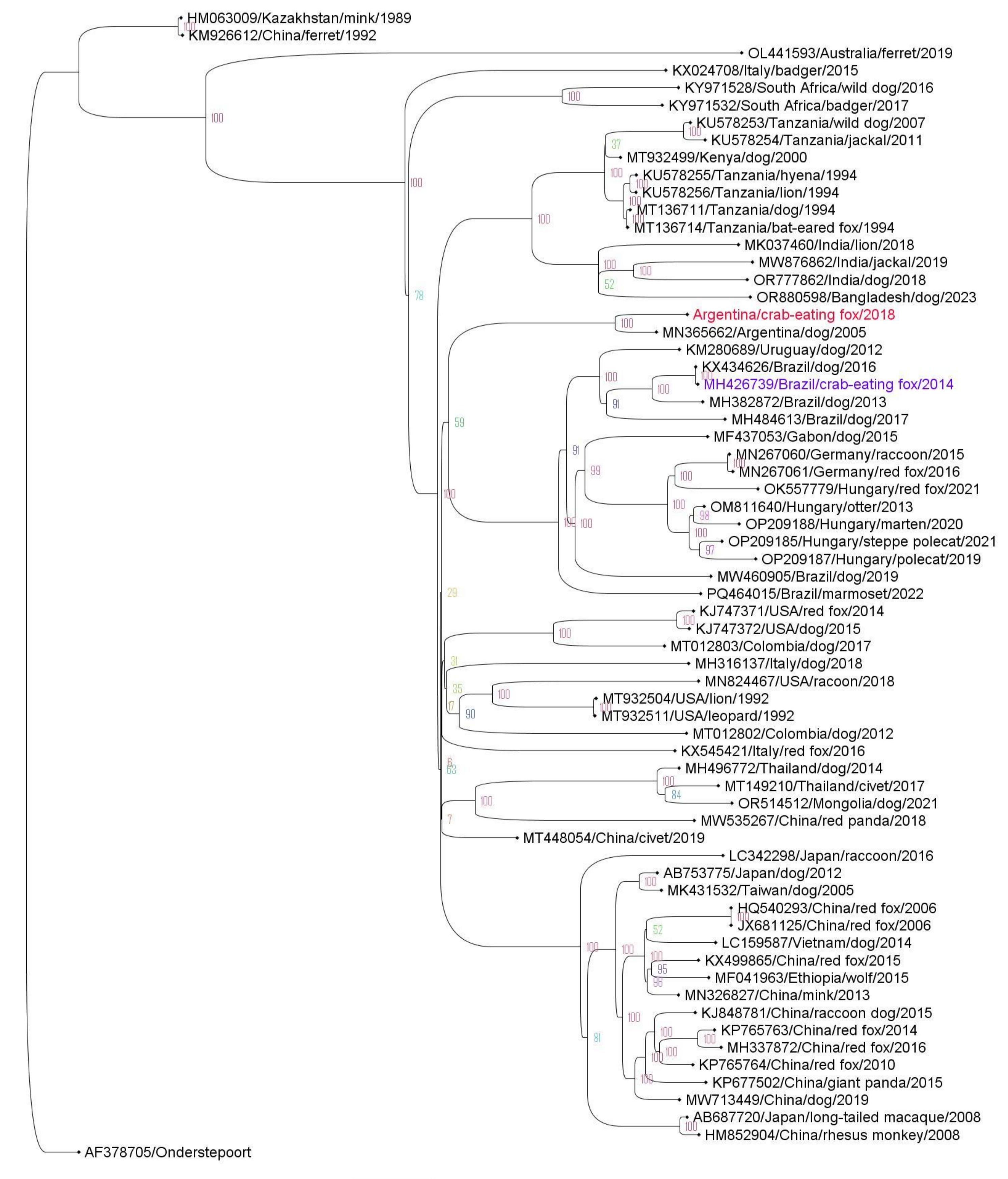
Las secuencias se alinearon con MAFFT v7.

La filogenia se reconstruyó con IQ-TREE2 + ModelFinder (GTR+F+I+G4, BIC), con 1.000 réplicas bootstrap.

## Resultados

El genoma argentino (**Argentina/crab-eating fox/2018**) se agrupó como par cercano de MN365662 (Argentina/dog/2005), en un clado con alto soporte indicando **afinidad con linajes caninos** locales y distante de otras secuencias de CDV halladas en zorros.

Otros genomas de zorros (p. ej., **MH426739/crab eating fox/Brazil/2014**) se asociaron estrechamente a linajes caninos de Brasil–Uruguay, evidenciando múltiples introducciones independientes desde perros a zorros.



## Conclusión

Este es el primer genoma completo de CDV obtenido de fauna silvestre en Argentina, constituyendo un punto de referencia para estudios epidemiológicos y evolutivos.

La secuenciación de genomas virales en diversas especies es esencial para:

- rastrear el origen de brotes
- comprender eventos de spillover,
- monitorear cambios evolutivos de virus con impacto en salud animal y conservación.