

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

Yanina Panzera¹, Ricardo E. Gürtler^{2,3}, Gabriela Nicosia³, Escardó, Josefina¹, Grecco, Sofía¹, Lucía Inés Rodríguez-Planes ^{8,9}, Ana Cristina Bratanich⁴, Andrea Marcos⁵, Aristóbulo Maranta⁶, Ruben Perez¹, Danilo Bucafusco^{4,7}

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 (IEGEB A), 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, Wlanika 251, Ushuaia, Tierra del Fuego AIAS

Contacto: 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 neurológicos compatibles con infección por virus del distemper canino (CDV).

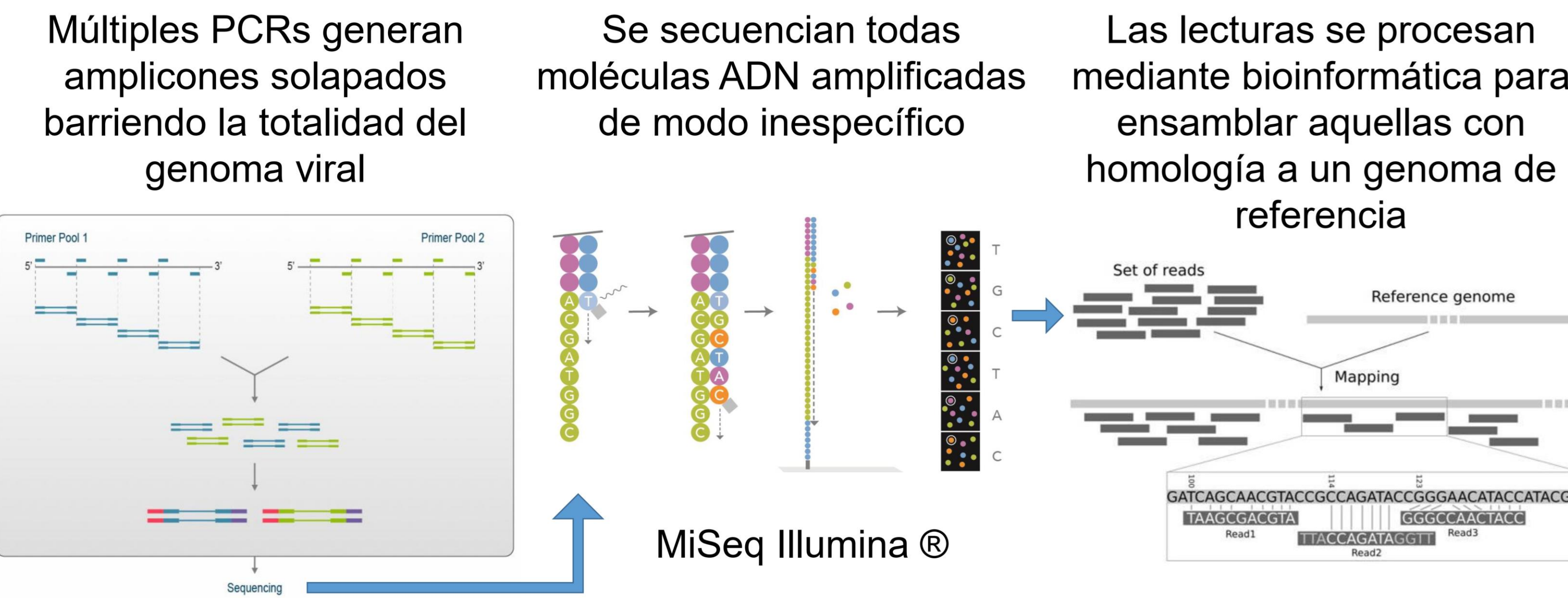


Detección

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.

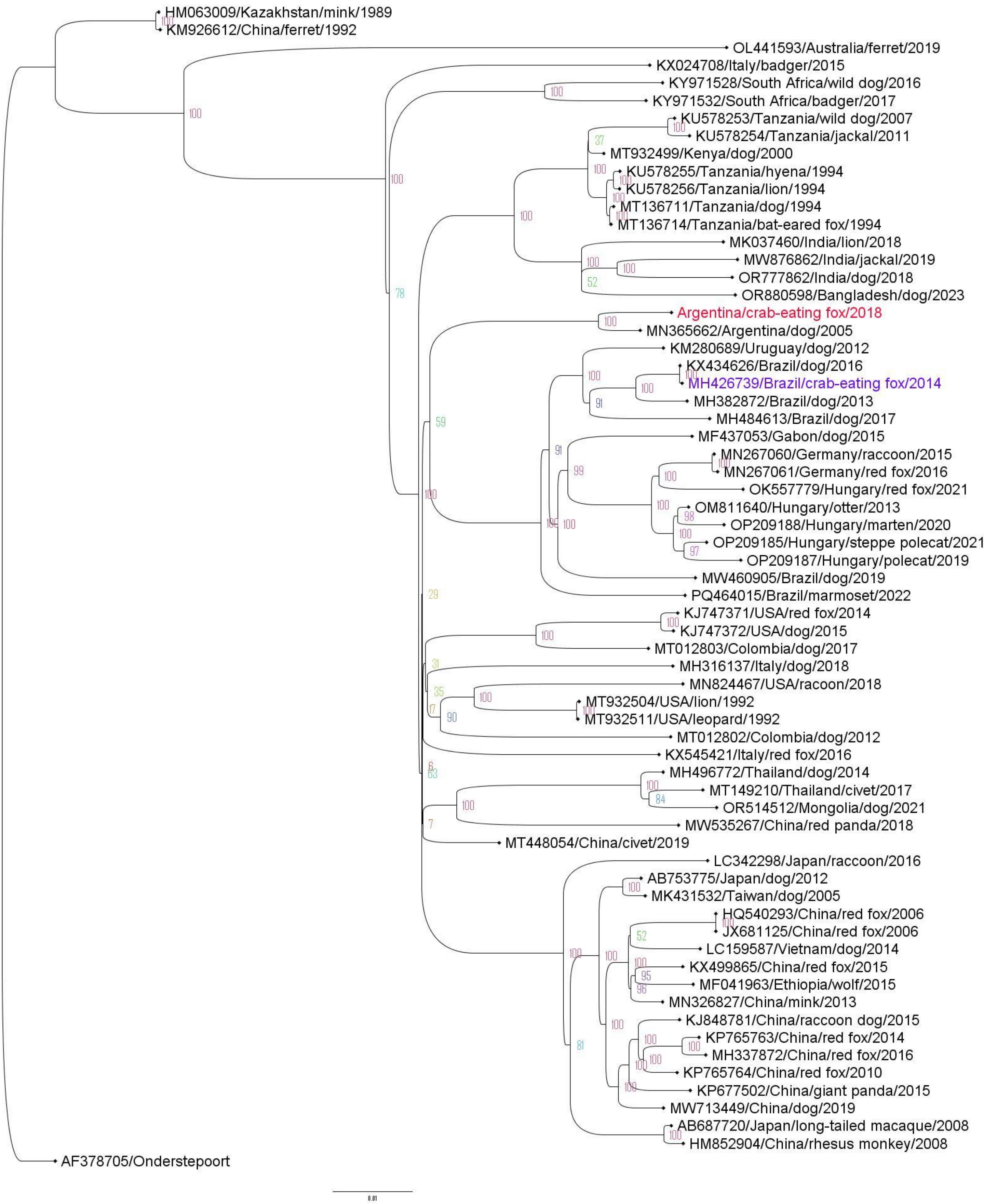


Data set y análisis filogenético

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.