

Epidemiología molecular de la rabia asociada a murciélagos insectívoros de la provincia de Buenos Aires

Vico, ML(1); Piccirilli, MG(2); Hirmas, SM(3); Martinez, G(4), Beltran, FJ(5); Cisterna, DM(6).

(1) Laboratorio del Departamento de Zoonosis Urbanas, Avellaneda, provincia de Buenos Aires; (2) Servicio de Neurovirosis, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán"; (3) Servicio de Neurovirosis, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán"; (4) Departamento de Zoonosis Urbanas, Avellaneda, provincia de Buenos Aires; (5) Instituto de Zoonosis "Luis Pasteur", Ciudad Autónoma de Buenos Aires; (6) Departamento de Virología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración nacional de Laboratorios e Institutos de Salud "Dr. Carlos G. Malbrán".

Contacto: lorenavico@yahoo.com.ar

La rabia es una enfermedad infectocontagiosa de evolución aguda, habitualmente mortal, causada por el virus de la rabia (RABV) que se transmite entre los animales de sangre caliente y el hombre. Objetivo: Estudiar la epidemiología molecular de la rabia asociada en los murciélagos insectívoros (MI) de la provincia de Buenos Aires (PBA). Para el análisis epidemiológico se analizaron 4717 especímenes de MI del Laboratorio del Instituto de Zoonosis Urbanas entre el 1 de enero de 2019 y 31 de diciembre de 2022. Para el análisis filogenético se obtuvo el gen de la nucleoproteína completa de 41 muestras que estuvieron disponibles entre el 1 de enero de 2021 y 31 de diciembre del 2022, secuencias del 2020 y 2023 de la PBA y de provincias argentinas. La detección y secuenciación del virus se realizó con RT-PCR, se utilizó *BigDye Terminator 3.1*. y el analizador genético ABI 3500, *Applied Biosystems*. Para los análisis filogenéticos, se construyó una matriz con 141 secuencias nucleotídicas del gen completo de la nucleoproteína viral. La corrección de las secuencias se realizó con BioEdit, la alineación con Clustal y el análisis filogenético se realizó con MEGA y MrBayes. Para la identificación taxonómica se utilizó Nueva guía de los murciélagos de Argentina. Se les diagnosticó rabia a 290 especímenes (6,1%). De los cuales se tipificaron 260. Géneros identificados: *Tadarida* 80,4%, *Myotis* 8,8%, *Lasiurus*, *Eumops*, *Eptesicus*, *Dasypterus*, *Molossus* y *Histiotus*. El árbol filogenético reveló que las muestras se distribuyeron en diferentes grupos, estadísticamente bien soportados, relacionados a los géneros de murciélagos donde fueron detectadas. Las secuencias de RABV obtenidas de la especie *Tadarida brasiliensis* se distribuyeron en un único grupo monofilético que mostró una elevada similaridad entre ellas con representantes de Brasil, Chile y Uruguay. El grupo de Sudamérica se diferenció de los provenientes de *Tadarida brasiliensis* mexicana de Estados Unidos y México. La muestra obtenida de un murciélago *Lasiurus villosissimus* se incluyó en un grupo constituido por aislamientos de *Lasiurus* provenientes de Estados Unidos y

Brasil. La muestra obtenida de un espécimen de *Dasypterus ega* segregó en un único linaje relacionado al grupo de . Las muestras de *Myotis* se distribuyeron en un grupo constituido por *Myotis* de las especies *dinelli* y *levis*, estrechamente relacionados con muestras de *Myotis nigricans* de Brasil. El grupo de *Myotis* de Sudamérica se diferenció de los *Myotis* de Estados Unidos y Canadá. Se demostraron 5 (10,6%) casos de transmisión interespecie. La rabia sostenida por MI se encuentra extendida por todo el territorio provincial con una prevalencia del 6,1%. Se identificó en una amplia diversidad de géneros, siendo la especie *Tadarida brasiliensis* el principal reservorio. La información obtenida será de utilidad para la prevención de accidentes rábicos relacionados a murciélagos insectívoros y animales domésticos en la provincia de Buenos Aires.