



**XXX Reunión de la  
Sociedad Argentina  
de Protozoología**  
Resistencia, Chaco

1al 3 de noviembre de 2018

---

Comité Organizador

---

Presidente: Dr. Horacio Lucero

Miembros: Dr. Luis Merino  
Mgtr. Bettina Brusés  
Mgtr. Laura Formichelli  
Dra. Fernanda Tracogna  
Dra. María E. Cattana  
Téc. Alejandra Vallejos Benítez  
Prof. Mariana Climent  
Téc. Sebastián Alonso

---

Comité Científico

---

Presidente: Dra. Fernanda M. Frank

Miembros: Dra. Catalina Alba Soto  
Dra. Patricia B. Petray  
Dra. Paula A. Sartor  
Dra. María Laura Belaunzarán  
Dra. Paola Zago  
Dra. Maria Victoria Cardinal  
Dra. Salomé C. Vilchez Larrea  
Dr. Guillermo D. Alonso

Sociedad Argentina de Protozoología  
Comisión Directiva

---

Presidente: Dra Silvina Wilkowsky  
Vicepresidente: Dra. Adelina Riarte  
Secretaria: Dra. Karina Gómez  
Pro-Secretaria: Dra. Mónica Esteva  
Tesorera: Dra. Silvia Fernández Villamil  
Pro-Tesorera: Dra. Silvia Longhi  
Vocales: Dr. Claudio Pereira  
Dra. Paola Zago

resistentes a piretroides.

---

### 3 - Correlación entre la prevalencia de uncinarias y *strongyloides stercoralis* – ¿una nueva herramienta diagnóstica en salud pública?

Fleitas P.1,2, Socias E.3, Travacio M.4, Cimino R.O.1,2, Krolewiecki A.J.1

1 IIET Instituto de Investigaciones de Enfermedades Tropicales, Sede Regional Orán, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina

2 Cátedra de Química Biológica, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina

3 Department of Medicine (Division of AIDS), University of British Columbia, Vancouver, Canadá

4 Consultor independiente

*Strongyloides stercoralis* y uncinarias, cuyas principales especies son *Necator americanus* y *Ancylostoma duodenale*, presentan coincidencias en sus características biológicas y epidemiológicas; la infección ocurre cuando las larvas que se encuentran en suelos contaminados con materia fecal penetran la piel intacta, presentan superposición geográfica y el rango de edad de los infectados es similar. Sin embargo, el diagnóstico de *S. stercoralis* es más desafiante que el de uncinarias, lo que contribuye a que la prevalencia de *S. stercoralis* sea desconocida y mayormente subestimada. Por lo tanto, nuestra hipótesis es que la prevalencia de uncinarias ( $P_{Un}$ ), cuyo diagnóstico es más simple en el laboratorio, podría resultar predictiva de la prevalencia de *S. stercoralis* ( $P_{St}$ ). El objetivo de este trabajo fue investigar la correlación de  $P_{Un}$  con  $P_{St}$ . Se realizó una revisión sistemática de trabajos científicos publicados entre los años 2014 y 2018. Se efectuó una búsqueda en Pubmed, Embase, CAB, LILACS y sciELO con las palabras clave “Hookworm” “Ancylostoma” “Necator” “Strongyloides” “Uncinarias” y “Estrongyloides”. Dicha búsqueda brindó 400 citas. Estas fueron revisadas por dos revisores mediante un análisis de título y resumen. Se tuvieron en cuenta los siguientes criterios de inclusión: trabajos en humanos asintomáticos, diagnóstico parasitológico de referencia y PCR, edad, sexo y raza indistinta pero residentes del lugar, estudios epidemiológicos transversales con prevalencia basales de uncinarias y *S. stercoralis*. Se seleccionaron 147 trabajos que fueron analizados teniendo en cuenta el texto completo. Finalmente se confirmó la validez y disponibilidad de datos para 41 trabajos que reportaron 42 poblaciones distintas. Los datos se analizaron usando regresión lineal y la correlación de Pearson. Se consideró  $P_{Un}$  como la variable independiente y  $P_{St}$  como variable dependiente. Se encontró una correlación significativa entre ambas prevalencias (Pearson = 0.73,  $P < 0.0001$ ), siendo ambas directamente proporcionales ( $r^2 = 0.53$   $P < 0.0001$ ). De esta manera, nuestros resultados sugieren que se podría estimar  $P_{St}$  con la función lineal  $P_{St} = 0.49x P_{Un} + 0.49$ . De confirmarse estos hallazgos con datos experimentales, esta ecuación podría sumarse como una herramienta de gran utilidad para determinar la  $P_{St}$ , y de este modo diseñar estrategias diagnósticas y terapéuticas que incluyan a *S. stercoralis*.

---

### 5 - Development of duplex TaqMan PCR assays for detection and quantification of *Trypanosoma cruzi* infection in wild and domestic reservoirs

Wehrendt D.P.1, Gómez-Bravo A.2, Pech-May A.4, Ramsey J.M.4, Cura C.1, Curto M.Á.1, Abril M.2, Guhl F.3, Schijman A.G.1

1 INGEBI Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular “Dr. Héctor N. Torres”, Buenos Aires, Argentina.

2 Fundación Mundo Sano, Buenos Aires, Argentina.

3 Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

A major question of epidemiological relevance in Chagas disease studies is to understand the dynamics of *T. cruzi* infection in sylvatic and domestic transmission cycles and to trace the origins of (re)emerging cases in areas under vector or disease surveillance. Conventional parasitological methods lack sensitivity and molecular approaches, such as the polymerase chain reaction may fill in this gap, provided that a standardized method can be developed and validated.

We have developed two duplex Real Time PCR assays for sensitive detection of *T. cruzi* satellite or minicircle repetitive sequences in blood samples from mammal reservoirs, incorporating an internal amplification standard that allows distinction of false negative PCR findings due to inadequate conditions of storage and transport of samples, DNA degradation during nucleic acid purification and/or inhibition of PCR by interfering substances present in the sample. The housekeeping gene that encodes the interphotoreceptor retinoid-binding protein (IRBP) has been selected as internal standard, because it is highly conserved among all mammal species and its usefulness as a DNA integrity control was previously reported in a conventional PCR protocol. Based on the alignment of the IRBP sequence available for several domestic and wild reservoir species, we designed primers and a TaqMan probe to a highly conserved region. The analytical sensitivity was 0.01 par. eq/mL and 0.1 par. eq/mL for satDNA/IRBP duplex and kDNA/IRBP duplex, respectively, as tested with two series of canine blood spiked with known concentrations of Silvio X10 (Tc I) and CL-Brener (Tc VI) cultured epimastigotes. The assays were evaluated in DNA extracts from blood samples of 87 wild and 147 domestic animals. Our DNA integrity control worked well for wild reservoir species including small rodents (*Akodon toba*, *Galea leucoblephara*, *Rattus rattus*), opossums (*Didelphis virginiana*, *D. marsupialis*), bats (*Tadarida brasiliensis*, *Promops nasutus*, *Desmodus rotundus*) and other mammals such as the skunk, viscacha, wildcat, brown brocket deer, hare and Pampas fox. Mean Ct values for IRBP amplification varied among species between 24 and 33. For domestic reservoirs, IRBP amplified in dog, cat, cow, sheep, goat, horse and mule specimens with mean Ct values between 23 and 25. In *T. cruzi* infected cases the assays allowed quantification of parasitic loads.

Our results promote the use of these methods for rapid and accurate screening of *T. cruzi* infection in different species of reservoirs.

---

## 7 - Estructura genética y detección de migrantes de *Triatoma infestans* (Reduviidae: Hemiptera) en el Chaco argentino

Piccinali R.V.1,2, Gaspe M.S.1,2, Gürtler R.E.1,2

1 Laboratorio de Eco-Epidemiología. Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina.

2 IEGEBA Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires, CONICET, Ciudad de Buenos Aires, Argentina.

Comprender la estructura genética de *Triatoma infestans* permite delimitar poblaciones y procesos de migración. Esta información es muy valiosa para estudiar la reinfestación de las casas tras los rociados con insecticidas e implementar estrategias de control vectorial. La problemática toma especial relevancia en la ecorregión del Gran Chaco, donde el control de la especie resulta muy difícil. Un estudio de morfometría geométrica de alas de *T. infestans* mostró la presencia de dos grupos fenotípicos (Este y Oeste) en un área rural bien definida del municipio de Pampa del Indio, Chaco, Argentina, sin rociados masivos con insecticidas durante 12 años. Estos grupos presentaron, a su vez, patrones diferentes de reinfestación. El objetivo de este trabajo es investigar la estructura genética utilizando los mismos insectos que para la morfometría geométrica. Se genotiparon 10 loci microsatélites en 303 insectos provenientes de 11 sitios domésticos o peridomésticos de 8 parajes rurales. Se caracterizó la estructura genética mediante los estadísticos  $F_{ST}$  y un análisis bayesiano. Se realizó una prueba de Mantel para ver si las distancias genéticas y geográficas se encontraban correlacionadas y un análisis de migrantes. Todos los  $F_{ST}$  de a pares de sitios resultaron significativos y muy variables (0,035 – 0,263). La prueba de Mantel fue no significativa. El análisis bayesiano