



II JORNADAS ARGENTINAS PARA LA CONSERVACIÓN Y MANEJO DE CAMÉLIDOS SILVESTRES SUDAMERICANOS

"Ante la adversidad aprendamos de la resiliencia de los camélidos"



**LIBRO DE RESÚMENES
2024**

DISEMINACIÓN INTERESPECIES: PRESENCIA DEL GENOMA DEL VIRUS DE LA LEUCOSIS BOVINA (BLV) EN PBMC DE LLAMAS QUE HABITAN LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES, ARGENTINA

LENDEZ, PAMELA A.^{1,2}; CARRICA ILLIA, MARIANO¹; CHAMORRO ANAHÍ¹; ZIMMERMANN, BARBARA¹; NIETO FARIAS, M. VICTORIA^{1,2}; MORÁN, PEDRO¹; BIANCHI, CAROLINA^{1,2}; DOLCINI, GUILLERMINA^{1,2}; CERIANI, M. CAROLINA^{1,2}.

(1) Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA), GIB/CISAPA, Tandil, Buenos Aires, Argentina.

(2) CIVETAN, UNCPBA-CICPBA-CONICET, Tandil, Buenos Aires, Argentina.

Autor de contacto: Pamela A. Lendez
palendez@vet.unicen.edu.ar

Tipo de resumen: AVANCES DE INVESTIGACIÓN

La reintroducción y restablecimiento de camélidos sudamericanos (CSA) en zonas que fueron una vez parte de su área de distribución histórica constituye una herramienta para la conservación de la biodiversidad. Sin embargo, es importante monitorear las interacciones con otras especies y la posible exposición a diferentes agentes patógenos. En general, las infecciones en CSA son resultado del contagio interespecie, aunque se desconoce si son susceptibles a varias enfermedades del ganado. Los rodeos bovinos argentinos presentan alta prevalencia al virus de leucosis bovina (BLV); en una alpaca con linfoma multicéntrico se detectaron anticuerpos contra este virus y presencia del genoma viral. Se planteó determinar la presencia del genoma viral en células mononucleares de sangre periférica (PBMC) de llamas que habitan regiones extra-andinas. Se tomaron muestras de sangre de 29 llamas adultas provenientes de dos establecimientos localizados en las ciudades de Tandil y Buenos Aires, que convivían con bovinos. Para determinar la presencia del genoma del BLV, se extrajo el ADN de las PBMC mediante el método de fenol-cloroformo. Se amplificó por PCR un fragmento de 427pb que codifica para la proteína de la cápside viral p24. La presencia del genoma viral fue confirmada en 12 llamas (prevalencia 41,37%). Para determinar si la infección era productiva, se infectó *in vitro* una línea celular epitelial mamaria bovina (MAC-T) a partir de PBMC de tres llamas BLV(+). Las células MAC-T y las PBMC se co-cultivaron 20h, se lavó la monocapa de MAC-T y, luego de 8 pasajes, se extrajo ADN de cada cultivo celular. Se detectó la presencia de fragmentos del genoma viral en los 3 cultivos infectados. Nuestros resultados demuestran infección natural y productiva por BLV en llamas, reforzando la hipótesis de la diseminación interespecie. Esto podría afectar la conservación y el uso sustentable de los CSA domésticos y silvestres, debido a la emergencia de enfermedades virales en una población sin inmunidad.