



VIII CONGRESO ARGENTINO DE PARASITOLOGÍA

infinitas dimensiones

ANÁLISIS DE ADULTOS DE *Clinostomum* sp. IDENTIFICADAS EN BASE A DATOS MOLECULARES, PARÁSITAS DE *Ardea cocoi*

Luca Di Cesare¹, Yasmín Croci², Jorge Barneche², Hernán Povedano³, Marcelo Acosta⁴, Walter Ferrari², Martín M. Montes², Silvia E. Plaul¹, Sergio R. Martorelli²



¹Laboratorio de Histología y Embriología Descriptiva, Experimental y Comparada, Facultad de Ciencias Veterinarias. UNLP. La Plata, Buenos Aires, Argentina. dicesare@fcv.unlp.edu.ar

²Centro de Estudios Parasitológicos y Vectores (CEPAYE), CCT-La Plata-CONICET-UNLP. La Plata, Buenos Aires, Argentina.

³Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, División Ornitología, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

⁴Facultad de Humanidades y Ciencias, Ciudad Universitaria Santa FE RN 168 Km 0, Universidad Nacional del Litoral.

INTRODUCCION

Las garzas *Ardea cocoi* (Pelecaniformes, Ardeidae) habitan zonas de bañados, arroyos, costas de lagunas y ríos. Se encuentran en América del Sur, desde las Guayanas hasta la Patagonia Central. Fue un ave muy perseguida por sus plumas durante el S. XIX.

Durante un estudio parasitológico realizado en *A. cocoi* provenientes de Magdalena, provincia de Buenos Aires y el Rincón Dpto. La Capital, provincia de Santa Fe, se encontraron digeneos de la familia Clinostomidae localizados en la cavidad oral y el esófago.

OBJETIVO

Secuenciar el gen COI de adultos del género *Clinostomum* sp. y compararlas con las secuencias de la familia Clinostomidae depositadas en el Genbank.

MATERIALES Y METODOS

Ejemplares de dichos parásitos se guardaron en alcohol 96% para estudios moleculares, y otros fueron conservados en formol para realizar tinciones y estudios morfológicos. Se secuenció el gen COI de 4 ejemplares, dos provenientes de cada provincia. Las secuencias obtenidas se editaron en el programa Geneious. A partir de secuencias de la familia Clinostomidae depositadas en el GenBank se contruyó una matriz que se alineó en la plataforma *on line* MAFFT. Con el programa MEGA X se calculó la distancia génica (*p-value*). El árbol filogenético se obtuvo con el programa Mr. Bayes.



RESULTADOS

Los ejemplares de Magdalena y uno de los ejemplares de Santa Fe no coinciden genéticamente con ninguna de las especies de *Clinostomum* sp. depositadas en el GenBank representando un nuevo linaje/especie. A su vez, uno de los ejemplares de Santa Fe es una identidad diferente a las anteriores y también representa un nuevo linaje/especie.

Distancia génica entre las especies

ou/gr	alta	cf.marg	marg	cich	tata	sp5	sta's1	caas	L3	sp1	sp2	arc	caifa	sp1	dent	alb	ll	sp7	sp6	comp	cula	phal	tila	phl	sp6	C_heter	Dist	entre grupos																										
ou/gr	31,0																													nc																								
alta		30,8	5,34																											0,00																								
cf.marg			32,7	7,91	8,9/4																									0,00																								
marg				29,9	10,7	10,67	10,5																							0,00																								
cich					30,1	15,0	16,24	10	8,17																					0,43																								
tata						30,3	15,9	16,03	16,5	10	8,55																			0,09																								
sp5							31,4	16	15,03	15,2	15	16,3	16																	nc																								
sta's1								30,1	15,2	15,00	15,6	10,9	12	10,7	17,1															nc																								
caas									30,9	14,8	14,64	14,9	10,1	11,2	11,2	15,7	11,6													0,21																								
L3										31	14,3	14,1	16	13,2	13,5	13,2	15,8	12,2	3,1											nc																								
sp1											30,8	10	14,32	14,7	12,8	13	13	15,4	11,5	5,02	3,21									0,00																								
sp2												30,7	10,2	15,0	15,2	11,3	10,6	10	15,6	13,2	8,37	10,3	9,46							2,46																								
arc													29,1	14,3	14,32	16,2	12,4	12,6	12,8	14,5	13,7	10,8	10	5,02	11,5					0,00																								
caifa														30,8	15	14,1	15,6	12,8	12,8	12,6	15,2	13,2	10,1	11,3	10,9	11,5	11,5				nc																							
sp1															20,3	12,3	12,07	13,0	12,0	14,2	11,8	13,2	13,4	11,8	12,3	12,5	12,8	11	12,1		0,64																							
dent																31,4	15,4	16,45	15,0	16,3	18,1	15,6	17,7	17,5	16,1	15	15,6	16,5	16,2	14,1	15,3	nc																						
alb																	32,1	19,5	19,56	17,8	18,3	19,5	19,1	17,7	16,8	16,1	17,2	15,6	16,3	16,3	16,5	15,1	18,3	2,35																				
ll																		32,5	17,1	18,88	18,8	18,3	17,3	15,2	16	17,2	16,5	17,1	16	18,2	17,9	15,1	20,5	16,8	0,00																			
sp7																			28,3	19,3	17,1	17	17,8	17,1	15,3	17,6	16,8	16,2	18,3	16,1	16,8	16,9	16,9	14,2	19,8	16,8	0,21																	
sp6																				29,4	19,2	19,30	17,4	19,2	18,3	16,5	18,7	17,2	16,1	16	16,8	16,8	18	15,8	19,8	20	17	3,31	0,25															
comp																					30,0	10,0	16,77	17,8	17,2	17,9	19,9	10,8	17	17,1	17,8	18,9	16,3	15,9	10,0	15,3	17,4	16,9	18,3	11,0	12,8	0,21												
cula																						32,1	18,0	17,74	19,7	18,8	18,3	16,9	17,7	18,0	16,3	16,9	17,3	17	17,9	16,5	14,5	18,0	18,1	18,4	11,4	12,1	9,94	0,00										
phal																							30,2	17,7	16,45	16,2	17	17,1	16,1	17,7	17,8	16,0	16,7	16,9	18,2	15,0	16	14,1	16,5	18,7	18,6	13,6	14,2	10,8	11,4	0,43								
tila																								30,0	16,2	17,95	16,4	17,1	16,8	17,3	17,7	19,2	17	17,7	17,9	17,7	16,7	17,3	18,7	19,4	16,6	10,8	12,7	13,7	13,4	12,8	13	nc						
phl																									31,0	16,2	16,80	17,1	15,8	16,5	15,6	18,2	16,9	15,5	15,6	16,9	16,2	15,4	16,6	15,7	19,2	20,1	20,3	17,2	17,7	17,2	16,4	17,4	10,6	nc				
C_heter																										29,5	19,0	19,34	16,3	19,2	19,3	20,2	19	20,7	16,5	19,9	19,9	19,7	16,8	20,0	18,9	20,2	20,4	22,5	17,0	18,4	19,7	19,0	19,6	19,7	20,9	1,71		
Dist																											30,2	19,1	18,7	19,8	20	19,2	17,4	18,5	19,8	18,2	18,8	17,8	18,5	17,9	18,7	19,3	20	19,8	20,6	18,9	18,5	16,8	18,1	18,6	21	18,7	15,03	0,21

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

Trabajos recientes, usando diversos marcadores moleculares mostraron una gran diversidad oculta en este género de digeneos en el mundo, con una gran cantidad de especies registradas y muchas otras por ser descubiertas de las que solo se conocen las secuencias obtenidas de metacercarias. En Argentina es la primera vez que se secuencian adultos de este género. Estudios genéticos que se basan en metacercarias de diferentes hospedadores del país están arrojando resultados promisorios y hacen suponer que en el futuro se podrán describir más especies de *Clinostomum* sp.