

# MICROSPORIDIOS PARASITOS DE ORGANISMOS ACUATICOS EN PUNTA LARA Y CANAL ESTE (BERISO)

Martin Miguel Montes<sup>1</sup>, Jorge Barneche<sup>1</sup>, Paula Marcotegui<sup>1</sup>, Ignacio Garcia<sup>2</sup>, Walter Ferrari<sup>1</sup>, Florencia Aranguren<sup>1</sup> y Sergio Martorelli<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Centro de Estudios Parasitológicos y Vectores (CEPAVE), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Universidad Nacional de La Plata (CCT, CONICET-UNLP), Boulevard 120 s/n e/ 60 y 64  
<sup>2</sup> Instituto de Limnología "Dr. Raúl A. Ringuélet", CONICET, Boulevard 120 y 62, La Plata, Argentina

## INTRODUCCION

Los microsporidios son parásitos intracelulares que en base a datos moleculares se relacionan con los hongos. Se conocen 1200 especies, ma-

yormente parásitas de artrópodos, sin embargo 17 géneros parasitan peces, ocho parasitan camarones y dos anuros. La mayoría son parásitos

específicos de una especie hospedadora, pero algunos de ellos (como *Pleistophora* sp.) pueden infectar varias especies, inclusive al hombre.

## MATERIALES Y METODOS

Se colectaron ejemplares de *Austrolebias elongatus* (Punta Indio), de renacuajos de *Boana pulchella* (Punta Lara) y del camarón *Palaemonetes argentinus* (Canal Este, Berisso) con nódulos blancos en la musculatura (Fig. 2). Se guardó tejido en alcohol 96%, se realizó la extracción de ADN y se se-

cuenciaron los genes 18S e ITS. Se conservó tejido en glutaraldehído al 5% para realizar estudios al Microscopio Electrónico de Transmisión. Las secuencias se editaron con el programa Geneious, se alinearon en la plataforma virtual MAFFT, se eliminaron las regiones pobremente alineadas con Gblocks

y se eligió el mejor modelo de sustitución con el BIC mediante el programa PartitionFinder (GTR+G y TVMef+G para el 18S e ITS). Se calculó la distancia genética ( $\rho$ -distance) con el programa MEGA y la reconstrucción filogenética se realizó usando Inferencia Bayesiana mediante el programa MrBayes.



Fig.1 Sitios de colecta de *Austrolebias elongatus* (Punta Indio), de renacuajos de *Boana pulchella* (Punta Lara) y del camarón *Palaemonetes argentinus* (Canal Este, Berisso)

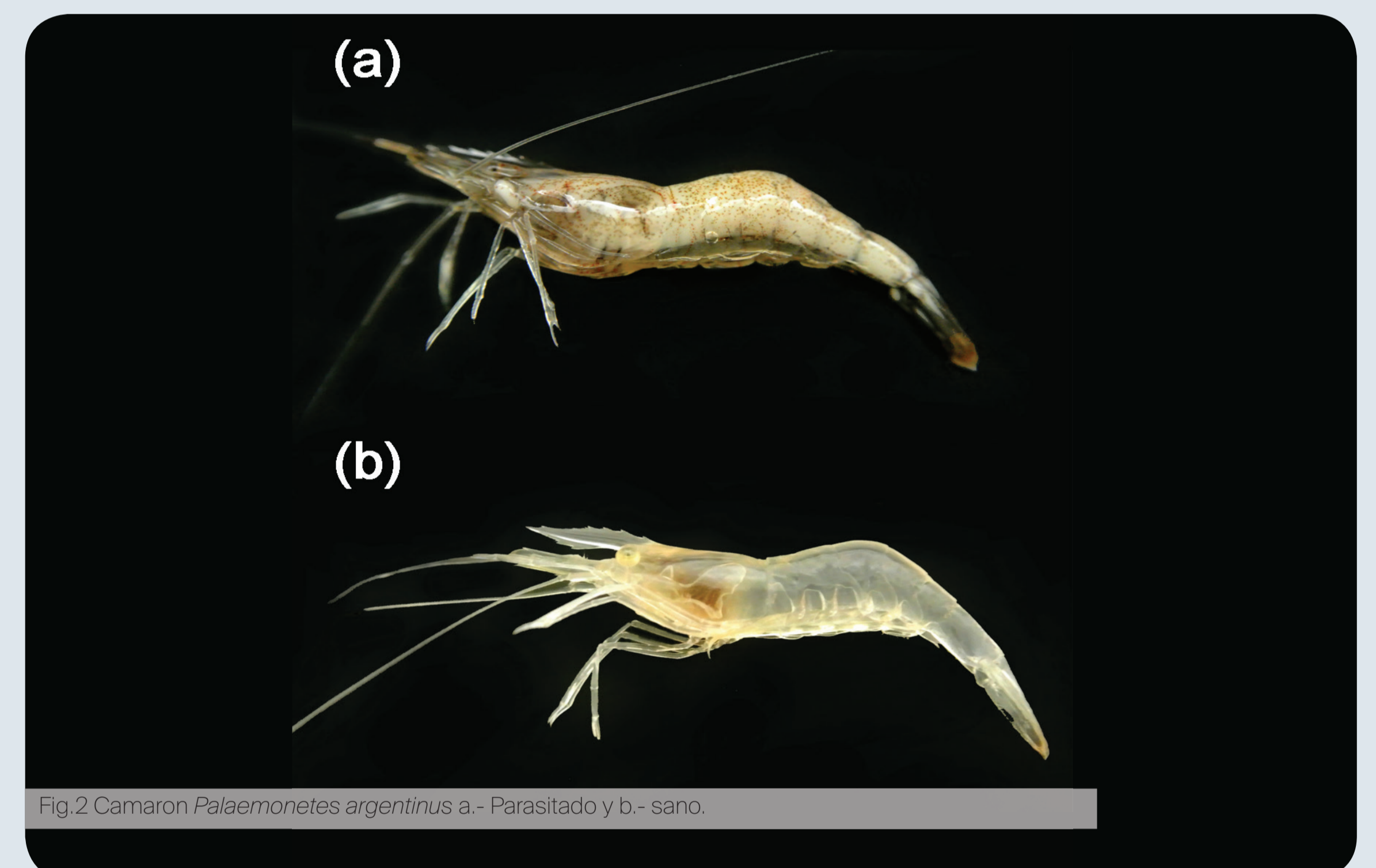


Fig.2 Camarón *Palaemonetes argentinus* a.- Parasitado y b.- sano

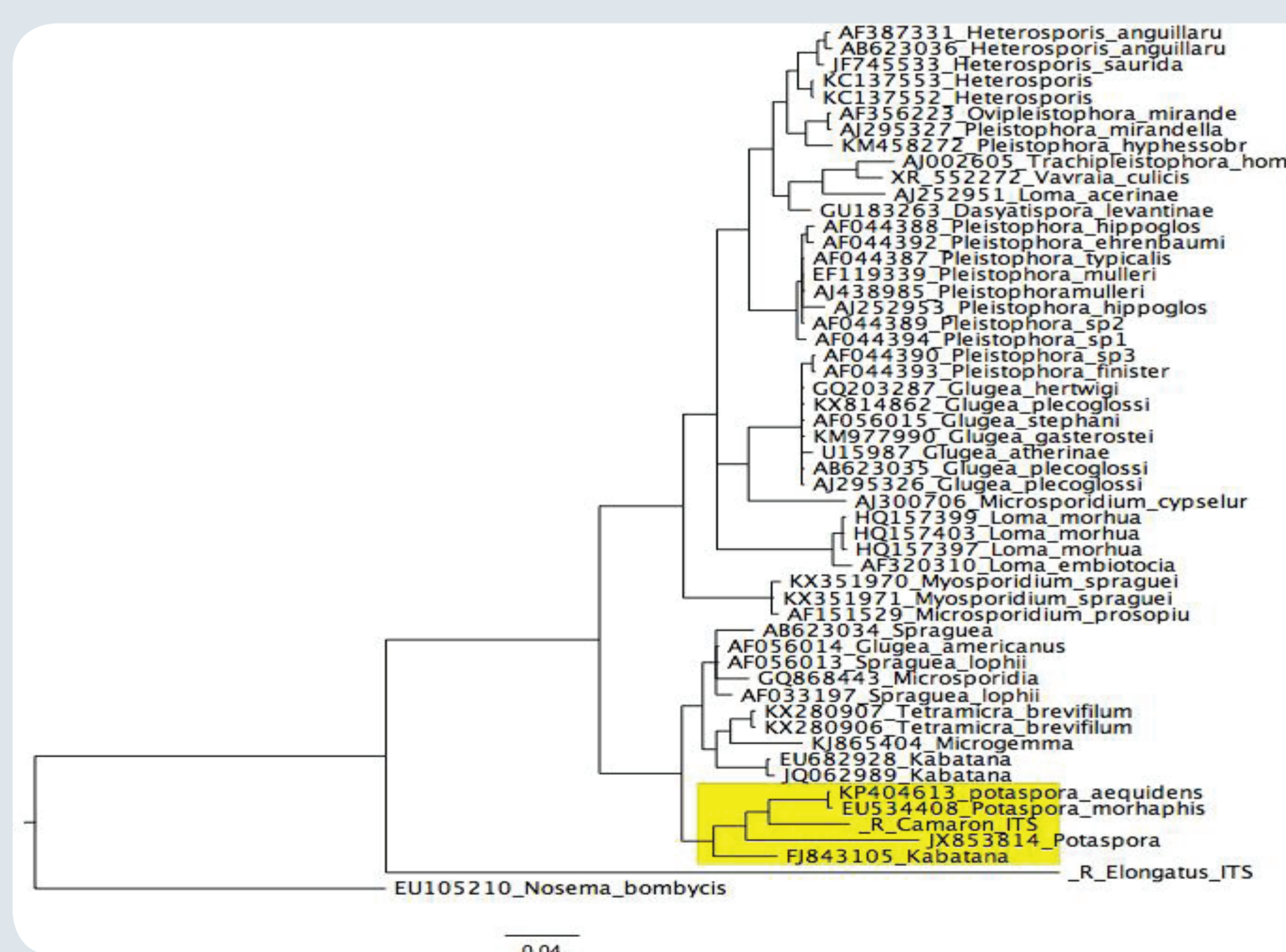


Fig.3 Filograma del gen ITS construido a partir de las secuencias del GenBank y de la secuenciación del microsporidio del camarón (*P. argentinus*)

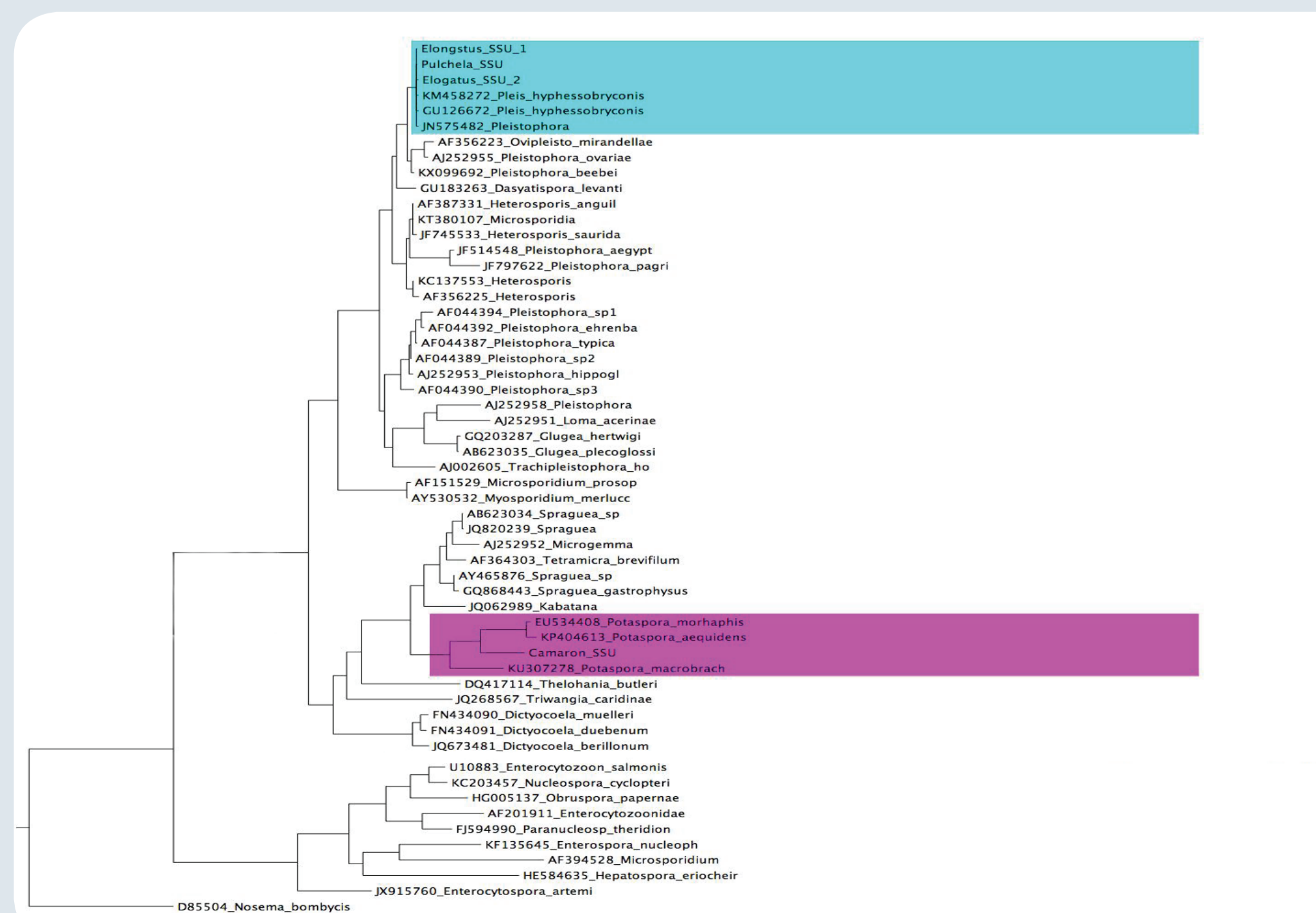


Fig.4 Filograma del gen SSU (18S rRNA) construido a partir de las secuencias del GenBank y de la secuenciación de los microsporidios de *A. elongatus*, *B. pulchella* y *P. argentinus*.

## RESULTADOS

En el filograma se puede observar a los microsporidios de *A. elongatus* y *B. pulchella* en un mismo clado con *Pleistophora hiphessobryconis* y el mi-

crosporidio de *P. argentinus* dentro del género *Potaspota* (Fig. 3 y 4). Los microsporidios hallados en *A. elongatus* y *B. pulchella* presentaron una distancia genética de 0% con respecto a *Pleisto-*

*phora hiphessobryconis*. El microsporidio hallado en *P. argentinus* presenta una distancia genética de 4-5% y 4-11% (18S e ITS respectivamente) con respecto a especies de *Potaspota*.

## CONCLUSIONES

*Pleistophora hiphessobryconis* constituye el primer registro para Argentina y para las familias Rivulidae e Hylidae. El microsporidio hallado en *P. argentinus* (Fig 5) representa una nueva especie del género *Potaspota*.



Fig.5 Fotografía al Microscopio electrónico de Transmisión de una espora de *Potaspota* sp. parasito de *Palaemonetes argentinus*.