

Caracterización molecular del virus de la rabia

Sus aplicaciones al diagnóstico y vigilancia epidemiológica en Argentina

DANIEL MARCELO CISTERNA

Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS «Dr. Carlos G. Malbrán».
Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

dcisterna@anlis.gob.ar

En Argentina, como consecuencia del éxito de los Programas Nacionales de Vacunación y Control, la importancia del perro doméstico como reservorio del virus de la rabia (RABV) se ha reducido sustancialmente. Esta situación, en conjunto con cambios en la demografía humana, alteraciones del medio ambiente y el aumento de prácticas recreativas que incrementan el contacto del hombre con animales salvajes, ha puesto en evidencia la importancia de otras especies de vida silvestre en la transmisión de la rabia. El RABV circula a través de dos ciclos epidemiológicos diferentes: terrestre y aéreo, asociados con diferentes especies dentro de los órdenes *Carnivora* y *Chiroptera*. La caracterización antigénica de RABV utilizando un panel de ocho anticuerpos monoclonales (AcMn), desarrollados por el CDC, es ampliamente utilizada en América Latina para la vigilancia epidemiológica. En Argentina, se encuentran dos variantes terrestres: VAg1 (asociada a perros domésticos) y VAg2, que circula entre cánidos selváticos. En quirópteros, se han identificado VAg3 (*Desmodus rotundus*), VAg4 (*Tadarida brasiliensis*) y VAg6 (*Lasiurus cinereus*). Sin embargo, el panel de AcMn en algunos casos, no puede resolver las variantes sostenidas por distintas especies de murciélagos insectívoros. La secuenciación nucleotídica parcial de la

nucleoproteína viral permite una caracterización adicional identificando linajes o variantes genéticas mantenidas por especies de murciélagos en un ciclo enzoótico independiente. De hecho, en nuestro país hemos identificado seis linajes de RABV que se asocian con especies específicas de murciélagos. Adicionalmente, el análisis filogenético nos ha permitido confirmar la circulación, distribución y dinámica de las variantes antigénicas y moleculares (VAg3 y VAg3a) en murciélagos vampiros en el Norte Argentino. Finalmente, el conocimiento de las variantes moleculares de RABV en Argentina nos permitió realizar un estudio de la aplicabilidad de dos ensayos de RT-PCR en tiempo real dirigidos al gen de la nucleoproteína (LysGT1 y LN34). El ensayo LysGT1 no pudo detectar tres variantes relacionadas con los murciélagos, mientras que el LN34 amplificó exitosamente todas las muestras evaluadas. En conclusión, la aplicación de herramientas moleculares es de gran utilidad para la identificación de especies reservorios de la rabia, especialmente en murciélagos.

Palabras clave: rabia, murciélagos, variantes.