

Detección molecular de *Plasmodium malariae*/*Plasmodium brasilianum* en primates no humanos en cautiverio de Costa Rica

Alicia Fuentes-Ramírez¹, Mauricio Jiménez-Soto², Ruth Castro¹, Juan José Romero-Zuñiga², Gaby Dolz^{1,2}

1 Maestría en Enfermedades Tropicales, Posgrado Regional en Ciencias Veterinarias Tropicales, Universidad Nacional
2 Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional
Correo electrónico: alifuentes16@Gmail.com, gaby.dolz.wiedner@una.cr



Objetivo

Determinar y caracterizar mediante técnicas moleculares las especies de *Plasmodium* presentes en muestras de sangre de primates no humanos viviendo en cautiverio para determinar su similitud con especies presentes en casos humanos de Costa Rica.

Metodología

Entre abril y noviembre de 2015 se recolectaron 152 muestras sanguíneas de primates no humanos de trece centros de rescate de Costa Rica para determinar la presencia de especies de *Plasmodium* mediante gota gruesa, reacción en cadena de la polimerasa multiplex semi anidado (SnM-PCR) y secuenciación. En el estudio se incluyeron cuatro especies de monos autóctonos de Costa Rica, *Saimiri oerstedii* (16), *Alouatta palliata* (32), *Ateles geoffroyi* (48), *Cebus imitator* (39) y 17 monos de una especie no nativa *Callithrix jacchus* (marmosetas).

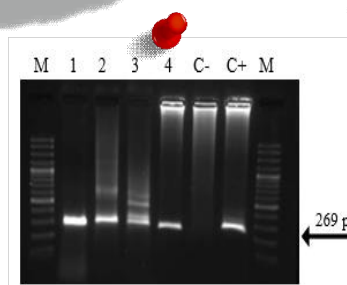


Figura 1. Electroforesis en gel de agarosa de los productos del SnM-PCR para especies de *Plasmodium* (M: marcador de peso molecular; 1: muestra A1 (*C. jacchus*); 2: muestra B1 (*A. palliata*); 3: muestra B2 (*A. palliata*); 4: muestra E1 (*A. palliata*); C -: control negativo; C+: control positivo de *P. malariae*).

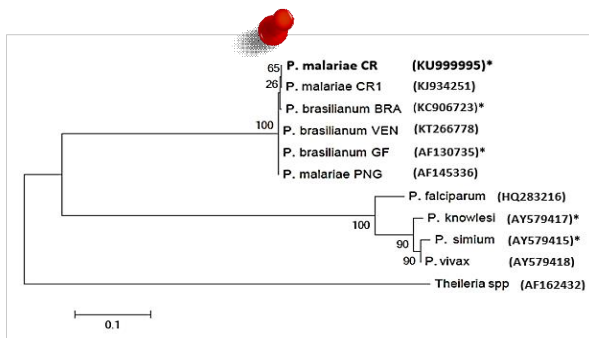


Figura 2 Árbol filogenético generado para la secuencia amplificada con el gen 18S rDNA por máxima verosimilitud. Árbol filogenético construido a partir de secuencias del ADN 18S de *P. malariae*/*P. brasilianum*, con el modelo evolutivo de Máxima Verosimilitud y distanciamiento genético Tamura-Nei.

Resultados

En gota gruesa, se determinaron dos monos (1 *A. palliata* y 1 *A. geoffroyi*) con el parásito *Plasmodium malariae*, mientras que en el SnM-PCR un total de cinco (3 *A. palliata*, 1 *A. geoffroyi* y 1 *C. jacchus*) monos resultaron positivos a *P. malariae* (Figura 1). Una muestra positiva en gota gruesa y SnM-PCR fue secuenciada, confirmando los resultados obtenidos microscópica- y molecularmente. La secuencia de *P. malariae*/*P. brasilianum* (GenBank KU999995) obtenida del mono congo E1, es idéntica a *P. malariae* de Costa Rica detectada en humano. En el árbol filogenético se muestra la estrecha relación entre la secuencia de E1 y secuencias de *P. malariae* y *P. brasilianum* de Costa Rica y otros países (Figura 2).

Conclusiones

- ❖ El parásito *P. malariae*/*P. brasilianum* se encontró en diferentes especies de primates no humanos en cautiverio y en diversas regiones del Sur de Costa Rica.
- ❖ La similitud de las secuencias de los parásitos encontrados en humanos y un mono sugiere, que estos últimos podrían estar actuando como reservorios de *P. malariae*/*P. brasilianum*, por lo que es importante incluirlos en los programas de control y erradicación.

Recomendaciones

- ❖ Informar a las autoridades de salud para que evalúen la inclusión de los primates no humanos en los programas de control y erradicación de la enfermedad.
- ❖ Realizar investigaciones para determinar los vectores involucrados en la transmisión del parásito, en zonas donde se han encontrado primates no humanos viviendo en cautiverio infectados con *P. malariae*/*P. brasilianum*.

Agradecimientos

A la Vicerrectoría de Investigación de la Universidad Nacional (UNA) y al Servicio Alemán de Intercambio Académico (DAAD). Esta investigación se realizó en el marco del proyecto de investigación ¡Hemoparasitos en primates no humanos de Costa Rica!. Un especial agradecimiento a las Dras. Nidia Calvo y Jessica Morera del Centro Nacional de Referencia de Parasitología, INCIENSA y a los Centros de Rescate por su valiosa participación.

