



Detección de virus entéricos en moluscos bivalvos de la zona de Golfo Nuevo, Chubut, Argentina

Frydman C (1), Seiler EN (2), Barbieri ES (2), Barón PJ (2), Galeano SF (1), Pisano MB (3), Miño S (4), Parreño V (5), Mozgovoj M (1,6)

(1) Instituto de Ciencia y Tecnología de Sistemas Alimentarios Sustentables (UEDD INTA-CONICET), Nicolas Repetto y de los Reseros s/n (1686) Hurlingham Buenos Aires Buenos Aires, Argentina.

(6) Universidad Nacional de Hurlingham (UNAHUR), Instituto de Biotecnología.Tte. Origone 151, Villa Tesei, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

(2) Centro para el Estudio de Sistemas Marinos – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CESIMAR-CONICET, Bv. Almirante Brown 2915, Puerto Madryn (U9120ACD) , Chubut , Argentina

(3) Instituto de Virología “Dr. J. M. Vanella”- FCM- UNC.Enfermera Gordillo Gómez s/n (entre Av.Enrique Barros y Av.Valparaíso), Ciudad Universitaria – Córdoba

(4) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Cerro Azul, Centro Regional Misiones, Argentina. Ruta Nacional 14. Km. 1085, N 3313 Cerro Azul, Misiones

(5) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Virología e Innovaciones Tecnológicas (IVIT INTA CONICET), Nicolas Repetto y de los Reseros s/n (1686) Hurlingham Buenos Aires Buenos Aires, Argentina.

frydman.camila@inta.gob.ar

Durante los últimos años los virus entéricos transmitidos por los alimentos fueron la causa más común de enfermedades virales relacionadas con el consumo de moluscos bivalvos. Estos organismos poseen la capacidad de filtrar grandes volúmenes de agua concentrando virus patógenos en su sistema digestivo. A su vez, al consumirse crudos o ligeramente cocidos representa un riesgo potencial para la salud humana. El objetivo de este trabajo fue determinar mediante RT-PCR en tiempo real la presencia de Norovirus GI y GII (NoV GI y GII), Rotavirus grupo A (RVA), Adenovirus humano (HAdv), Hepatitis A (HAV) y Hepatitis E (HEV) en muestras de ostras *Crassostrea gigas* de la zona del Golfo Nuevo ubicado en la localidad de Puerto Madryn provincia de Chubut, Argentina. Aquellas muestras que resultaron positivas fueron sometidas a RT-PCR de punto final (o convencional); el fragmento amplificado fue purificado y secuenciado por Sanger. Se realizaron análisis filogenéticos con el programa Mega v11 para determinar el genotipo viral. Se procesaron un total de 121 ostras agrupadas en 61 pooles (2 por pool) que contenían 2 g de ostras extraídas durante el período comprendido entre 2018 y 2021.El procesamiento de las muestras se realizó según la norma ISO/TS 15216-2:2019. Del total de pooles analizados 11,5% resultaron positivos para RVA; 4,1% para HAV; 4,1% para NoV GII; 1,65% para HEV y 25,6% para HAdv no se logró detectar NoV GI en ninguna de las muestras



analizadas en este estudio. De las muestras que resultaron positivas para RVA, sólo se pudo caracterizar molecularmente la cepa detectada en uno de los pools, la cual resultó ser G8P[1]. En cuanto a HAV de los 5 pools positivos, se logró amplificar un fragmento correspondiente a la región 5'-UTR sólo en dos de ellos. Estudios filogenéticos demostraron que el genotipo encontrado era 1A. En conclusión, los resultados obtenidos en este estudio confirman la circulación de virus entéricos de alto impacto en salud pública en moluscos bivalvos del Golfo Nuevo. Estos resultados plantean la necesidad de implementar programas de vigilancia para prevenir posibles brotes de enfermedades virales transmitidas por el consumo de moluscos bivalvos, siendo la zona de estudio un sitio en el cual la extracción y consumo de éstos y otros bivalvos para el consumo es de regular frecuencia.

Palabras Clave: Microbiología, *Crassostrea gigas*, Inocuidad