# Detección de *Babesia* sp. y *Borrelia* sp. en garrapatas *Ixodes stilesi* recolectadas en Chiloé, Chile.

Adriana Santodomingo<sup>1</sup>, Richard Thomas<sup>1</sup>, Sofía Robbiano<sup>1</sup>, Lucila Moreno<sup>2</sup>, Javier Cabello-Stom<sup>3</sup>, Ronnie Ascencio<sup>3</sup>, Ezequiel Hidalgo-Hermoso<sup>4</sup>, Sebastián Muñoz-Leal<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción

<sup>2</sup>Departamento de Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas

<sup>3</sup> Centro de Conservación Chiloé Silvestre, Nal Bajo, Chiloé, Chile

<sup>4</sup>Fundación Buin Zoo, Buin,. Chile

Las garrapatas del género Ixodes se consideran los principales vectores de agentes infecciosos como Borrelia (grupo Borreliosis de Lyme) y Babesia.

Estos microorganismos incluyen especies que generan infecciones con gran importancia en salud publica y veterinaria a nivel mundial.

Los cérvidos se han identificado como importantes hospederos de garrapatas y de los agentes infecciosos transmitidos por estos artrópodos.

## Introducción

En Chile, el pudu (*Pudu puda*)
y el roedor *Oligoryzomys longicaudatus*son hospederos de *Ixodes*stilesi, el primero es
parasitado por adultos y
ninfas, y el segundo solo por
ninfas.

La presencia de Borrelia chilensis VA1 en I. stilesi, sugiere que esta garrapata puede desempeñar un papel en la persistencia local de esta Borrelia. Sin embargo, no se ha analizado si estas garrapatas poseen ADN de Babesia.

Verdugo et al. 2017; Razanske et al. 2019; Milnes et al. 2019; Hrazdilová et al. 2020.

# Objetivos

Determinar la presencia de ADN de *Borrelia* y *Babesia* en *I. stilesis* colectadas de pudu en Chiloé, Chile.

Evaluar el posicionamiento filogenético de las secuencias generadas para *Borrelia* y *Babesia*, amplificadas de *I. stilesi* recolectadas desde *P. puda* en Chiloé.

# Material y métodos

Las garrapatas *I. stilesi* se colectaron entre enero y junio del 2021 en la isla de Chiloé, estas fueron extraídas de cinco pudus silvestres que ingresaron al Centro de Rescate Chiloé silvestre y fueron depositadas en microtubos con alcohol absoluto grado molecular y rotulados por cada hospedero y almacenados hasta su posterior extracción de ADN.

• kit DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN)

Extracción de ADN

Para evaluar la cantidad y la calidad de ADN



## Control

• PCR
convencional
como control
interno del
ADN, dirigida al
gen 16S de las
garrapatas.
(secuencias
para las
garrapatas
positivas)

#### PCR

- *Borrelia*: Fragmento del gen de flagelina (*flaB*).
- *Babesia*: Fragmentos de los genes **18S** y citocromo c oxidasa l (**COI**).



#### Purificar y secuenciar

Purificar y secuenciar en ambas direcciones a MACROGEN

#### Análisis filogenéticos

 Inferencias filogenéticas de inferencia Bayesiana (IB) con selección de modelo bajo el criterio de información bayesiana (BIC), MrBayes 3.2.6

### Resultados

Se recogieron un total de 26 garrapatas las cuales fueron identificadas como Ixodes stilesi (4 machos, 17 hembras, 4 ninfas)

#### Bahesia

Se encontraron 4 positivos (2 ninfas y 2 hembras). Los análisis filogenéticos de IB basados en 18S (Fig. 1) y COI, indican que nuestros genotipos ISB5 y ISB8 pertenecen al grupo de Babesia sensu stricto (s.s.), y se encuentran en un clado monofilético con secuencias de Babesia detectadas en diferentes ungulados principalmente en cérvidos.

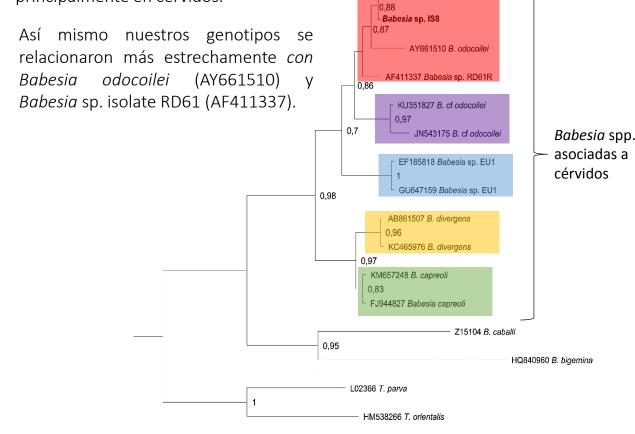


Fig. 1. Árbol filogenético de IB basado en secuencias de 18S de *Babesia* spp. asociadas a cérvidos (Clados para Babesia sp. de cérvidos propuestos por Burgess et al. (2020).

#### Borrelia

Se encontró una hembra positiva. El análisis filogenético de IB basado en secuencias del gen flaB (Fig. 2) indica que nuestra secuencia pertenece al grupo de Borrelia de Lyme.

Nuestro genotipo encuentra estrechamente relacionado con Borreliella chilensis strain VA1 (CP009910).

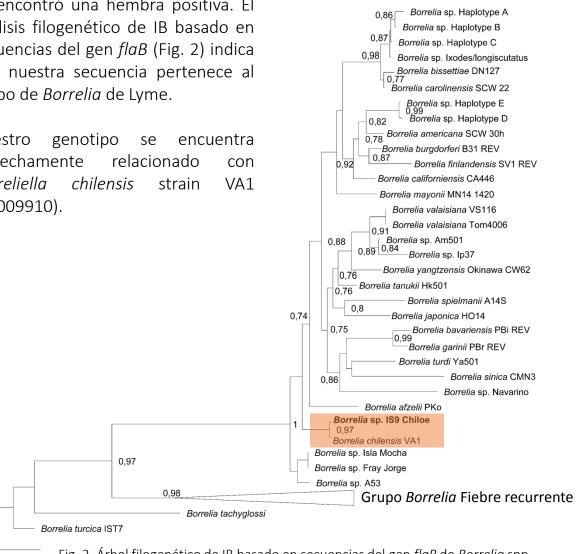


Fig. 2. Árbol filogenético de IB basado en secuencias del gen flaB de Borrelia spp.

## Conclusiones

- Esta investigación detecta por primera vez a *Borrelia* y *Babesia* en garrapatas *I. stilesi* en la Isla de Chiloé.
- Los genotipos de *Babesia* encontrados en las garrapatas están estrechamente relacionados con *Babesia* spp. de otras especies de cérvidos. Probablemente, pudúes e *I. stilesi*, estarían manteniendo ciclos enzoóticos de estos piroplásmidos en la isla.
- Se desconoce sobre la ecoepidemiología y el potencial zoonótico y patológico de los agentes detectados, por lo que es importante continuar investigando estos microorganismos, el tipo de interacción que mantienen con pudúes y comprobar si la garrapata *I. stilesi* está actuando como vector de ellos.

# Referencias

- Razanske Irma, Rosef Olav, Radzijevskaja Jana, Bratchikov Maksim, Griciuvienea Loreta, Paulauskas Algimantas. Prevalence and co-infection with tick-borne *Anaplasma phagocytophilum* and *Babesia* spp. in red deer (*Cervus elaphus*) and roe deer (*Capreolus capreolus*) in Southern Norway. Parasites and Wildlife 8 (2019) 127–134.
- Milnes Ellie L., Thornton Grace, Léveillé Alexandre N., Delnatte Pauline, Barta John R., Smith Dale A., Nemeth Nicole. Babesia odocoilei and zoonotic pathogens identified from *Ixodes scapularis* ticks in southern Ontario, Canada. Ticks and Tick-borne Diseases 10:3 (2019) 670-676.
- Verdugo Claudio, Jiméneza Omar, Hernández Carlos, Álvareza Pedro, Espinoza Angelo, González-Acuña Daniel.
   Infection with Borrelia chilensis in Ixodes stilesi ticks collected from Pudu puda deer. Ticks and Tick-borne Diseases 8: 5 (2017) 733-740.
- Hrazdilová Kristýna, Rybářová Markéta, Široký Pavel, Votýpka Jan, Zintl Annetta, Burgess Hilary, Steinbauer Vladimír, Žákovčík Vladimír, Modrý David. Diversity of *Babesia* spp. in cervid ungulates based on the 18S rDNA and cytochrome c oxidase subunit I phylogenies. Infection, Genetics and Evolution 77 (2020) 104060.