

MANTENIMIENTO Y TRANSMISIÓN DE *TRICHINELLA* SPP. EN HOSPEDEROS SILVESTRES Y CERDOS DOMÉSTICOS

Krivokapich SJ

Departamento de Parasitología, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas, Administración Nacional de Laboratorios e Institutos de Salud, Dr. Carlos G. Malbrán, Av. Vélez Sarsfield 563 (1281), Buenos Aires, Argentina silkri@anlis.gov.ar

La trichinellosis es una enfermedad producida por la ingestión de alimentos infectados con larvas musculares del género *Trichinella*. Este se compone de ocho genotipos encapsulados, (*T. spiralis*, *T. nativa*, *T. britovi*, *T. murrelli*, *Trichinella* T6, *T. nelsoni*, *Trichinella* T8 y *Trichinella* T9) que exhiben una cápsula de colágeno característica, situada alrededor del parásito en el tejido muscular infectado y tres no encapsulados (*T. pseudospiralis*, *T. papuae*, y *T. zimbabwensis*). Además, recientemente nuestros estudios a nivel molecular, a partir de un aislamiento silvestre de un puma (*Puma concolor*) de la localidad de Trapalco, Río negro, develaron la existencia de otro genotipo encapsulado (*Trichinella* T12) en la región patagónica de nuestro país (Krivokapich *et al.*, 2008).

Los miembros del género *Trichinella* son mantenidos y transmitidos en la naturaleza principalmente por animales con hábitos carnívoros y/o carroñeros y presentan una amplia distribución mundial, ya que se encuentran en todos los continentes, a excepción de la Antártida. Las larvas infectivas poseen una localización intramuscular y un metabolismo anaeróbico que les permiten resistir a la descomposición en las carcasas de sus hospederos, de manera similar a huevos que contribuyen a la propagación de la zoonosis en cada hábitat (Pozio 2000). Las prácticas humanas inapropiadas, como la contaminación ambiental con desperdicios de cerdos provenientes de

faena no controlada y restos de animales de caza contribuyen a incrementar la intensidad y distribución de la infección en la naturaleza.

Trichinella spiralis es el agente etiológico característico de cerdos domésticos, no obstante puede y suele invadir el hábitat silvestre. Esto se evidenció en nuestros análisis de identificación molecular a nivel especie de aislamientos de larvas musculares de animales domésticos y silvestres de distintas regiones geográficas del país (Krivokapich *et al.*, 2006). Desde el año 2000 al presente, un total de 127 aislamientos se identificaron como pertenecientes a la especie *T. spiralis*, de estos 112 pertenecieron a cerdos domésticos y alimentos sospechados de originar brotes humanos, mientras que los restantes 15 procedieron de muestras de animales silvestres y sinantrópicos. En consecuencia podemos inferir que *T. spiralis* es el principal agente causal de la trichinellosis en nuestro país. Además, las cargas parasitarias más altas se registraron en cerdos domésticos y jabalíes, en concordancia con reportes sobre infectividad en distintos animales, que muestran que *T. spiralis* presenta la mayor capacidad reproductiva en esos hospederos. (Kapel 2000). Por un lado, esto asevera que el mayor riesgo de transmitir la enfermedad al hombre es a través de carne y productos porcinos, pero además, sugiere que en regiones endémicas los jabalíes podrían actuar como importantes reservorios de *T. spiralis* en la naturaleza. Uno de estos

casos podría estar reflejado en Junín de los Andes, Neuquén, donde desde el año 2005 se detectaron 9 jabalíes infectados con *T. spiralis*. Probablemente el mantenimiento de la infección entre jabalíes y la transmisión de parásitos a hospederos de otras especies podría elevar de manera significativa los niveles de infección por *T. spiralis* en áreas silvestres, que en caso de lindar con zonas periurbanas, donde se realice la cría y comercialización de cerdos o tenencia familiar sin inspección veterinaria, representaría un riesgo mas alto de transmisión de la infección a los animales domésticos. Además, en esa región donde existe una práctica habitual de caza de jabalíes se deben considerar otros posibles mecanismos que facilitarían la propagación de la infección. Los animales parasitados por *Trichinella* posiblemente se tornen un blanco mas fácil de caza, ya que presentan afectados los músculos que intervienen en la respiración y locomoción. Esto aumentaría la probabilidad de infección en los animales cazados, que sumado al hábito de dejar expuestas las carcazas al ambiente incrementaría la dispersión del parásito en la naturaleza, donde los roedores sinantrópicos podrían intervenir en el flujo de transmisión entre hospederos domésticos y silvestres. Por otro lado, el habitual consumo de estos animales de caza representa un riesgo directo de infección humana con alimentos con alta carga parasitaria.

No obstante, también se debe considerar que otras especies de mamíferos podrían contribuir como reservorios y agente de transmisión de *T. spiralis*. Por ejemplo, un total de 7 de 11 peludos (*Chaetophractus villosus*) provenientes de diferentes localidades de provincia de Buenos Aires se detectaron infectados, donde dos se identificaron como *T. spiralis*. (Krivokapich *et al*, 2006).

Respecto al genotipo silvestre, *Trichinella T12*, se debería realizar otras consideraciones. Mientras *T. spiralis* es una especie introducida en nuestro país, luego de la colonización Europea mediante la comercialización de cerdos (Pozio 2000), el genotipo *Trichinella T12* es

autóctono y se encontraría más adaptado a otros hospederos que participarían en el hábitat silvestre, como el puma donde se evidenció la infección. Además, debido a que otros genotipos silvestres de *Trichinella* presentan diferentes grados de infección en cerdos (Kapel, 2000), el genotipo T12 podría poseer una infectividad suficiente en estos animales domésticos para representar un riesgo adicional con mecanismos similares al detallado anteriormente para *T. spiralis* en infecciones silvestres, pero con una participación diferencial de reservorios. No obstante, aún falta identificar un número amplio de aislamientos del nuevo genotipo para establecer el rango de hospederos, grado de infectividad y distribución geográfica, que permitan demostrar esas consideraciones epidemiológicas.

La epidemiología molecular proporciona una información relevante para develar los mecanismos de mantenimiento y transmisión de la infección por *Trichinella* y se propone como una herramienta valiosa para emprender acciones de control de esta parasitosis en nuestro país. En consecuencia, es sumamente importante la identificación a nivel especie de todos los aislamientos de *Trichinella* que se detecten en infecciones porcinas, alimentos implicados en brotes humanos y animales silvestres y sinantrópicos.

BIBLIOGRAFÍA

Kapel, C.M.O., 2000. Host diversity and biological characteristics of the *Trichinella* genotypes and their effect on transmission. *Vet Parasitol.* 2000 Dec 1;93 (3-4):263-78.

Krivokapich S J, Molina V, Bergagna H F J, Guarnera E A. , 2006. Epidemiological survey of *Trichinella* infection in domestic, synanthropic and sylvatic animals from Argentina. *Journal of helminthology*, Sep;80(3):267-269

Krivokapich S J, Gonzalez Prous C L, Gatti G M, Confalonieri V, Molina V, Matarasso H, Guarnera E. , 2008. Molecular evidence for a novel encapsulated genotype of *Trichinella* from Patagonia, Argentina. *Vet. Parasitol.* (2008), doi:10.1016/j.vetpar.2008.06.003

Pozio, E., 2000. Factors affecting the flow among domestic, synanthropic and sylvatic cycles of *Trichinella*. *Vet Parasitol.* 93, 241-264