

Nadia C. Abarca^a, Guillermo A. Cardona^b, Pamela C. Köster^a, Marta Hernández de Mingo^a, Begoña Bailo^a, Aly S. Muadica^a, Rafael Calero-Bernal^c, David Carmena^a

^a Laboratorio de Referencia e Investigación en Parasitología, Centro Nacional de Microbiología, Majadahonda, Madrid, España ^b Laboratorio Agropecuario, Diputación Foral de Álava, Álava, España ^c Grupo de Investigación SALUVET, Departamento de Salud Animal, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, España

Antecedentes

Blastocystis sp. (Stramenopiles) es el microorganismo eucariota más comúnmente hallado en muestras fecales humanas globalmente. Su patogenicidad es controvertida, ya que este protista ha sido identificado tanto en individuos asintomáticos como en pacientes con trastornos intestinales (diarrea, síndrome de colon irritable) y extra-intestinales (urticaria) (Scanlan et al., 2014). En la provincia de Álava *Blastocystis* sp. fue hallado en el 35% de la población general asintomática investigada, pero no en sus animales de compañía (Paulos et al., 2017). *Blastocystis* sp. también ha sido detectado en zorros en el País Vasco (Calero-Bernal et al., en prensa). En España no hay datos sobre la prevalencia y diversidad de subtipos (ST) de *Blastocystis* en bovinos. Este estudio epidemiológico transversal pretende i) determinar la diversidad y frecuencia genotípica de *Blastocystis* sp. en ganado bovino de leche en la provincia de Álava, y ii) determinar si esta especie hospedadora puede actuar como potencial fuente de infección para otros animales domésticos y humanos.

Metodología

Durante la campaña de control de la paratuberculosis bovina en Álava se recogieron un total de 179 muestras de heces de bovinos de leche (edad: >24 meses) asintomáticos procedentes de 20 explotaciones ganaderas durante el primer semestre de 2019 (Figura 1). El ADN genómico obtenido fue aprovechado para investigar la ocurrencia de *Blastocystis* sp. mediante un protocolo de PCR para amplificar el marcador *ssu* rRNA del protista (Sciicluna et al., 2006). La identificación de subtipos fue realizada a partir de las secuencias obtenidas usando la herramienta *Blastocystis* Subtype (18S) (<https://pubmlst.org/blastocystis/>).

Resultados

Blastocystis sp. fue detectado en el 44,7% de las muestras investigadas y en el 100% de los municipios muestreados en las comarcas del Norte de Álava (Tabla 1), durante el periodo mayo-noviembre. Los análisis de las secuencias generadas revelaron la presencia de los subtipos ST5 (1,2%; 1/80), ST10 (17,5%; 14/80) y ST12 (15%; 12/80) del protista. Una secuencia presentaba resultados ambiguos ST13/ST14 (1,2%). El 65% (52/80) de los amplicones del tamaño esperado obtenidos en *ssu*-PCR generaron bandas demasiado tenues para ser genotipadas con éxito (Tabla 1).

Subtipo	No.	Frecuencia (%)
ST5	1	1,2
ST10	14	17,5
ST12	12	15,0
ST13/ST14	1	1,2
No tipable	52	65,0
TOTAL	80	100

Tabla 1. Frecuencia y diversidad genotípica de *Blastocystis* sp. hallada en la población bovina investigada.

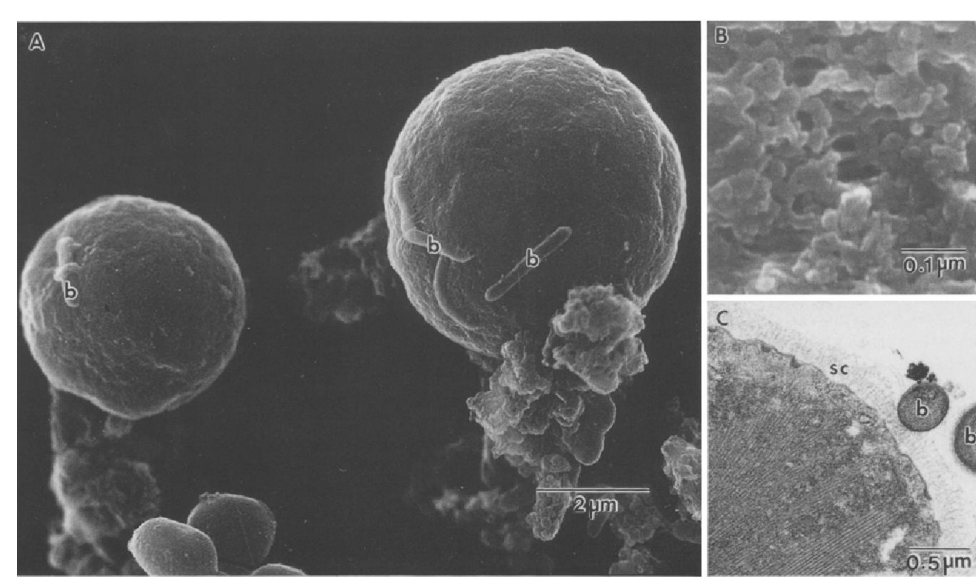


Figura 1. Mapa de la provincia de Álava mostrando la localización geográfica de las 20 explotaciones ganaderas muestreadas en el presente trabajo.

Tabla 1. Frecuencia y diversidad genotípica de *Blastocystis* sp. Por municipio, hallada en la población bovina investigada.

Explotación	No. animales	Con <i>Blastocystis</i>	% Total
Amurrio	78	17	44,7%
Aramaio	4	2	
Ayala	19	15	
Barrundia	1	1	
Kuartango	4	1	
Legutio	4	4	
Llodio	7	2	
Ribera Alta	18	12	
Urkabustaiz	15	11	
Zigoitia	12	2	
Zuia	17	13	
TOTAL	179	80	

Conclusiones

1. La prevalencia de *Blastocystis* sp. en la población bovina investigada (44,7%) es considerada alta.
2. Coincidiendo con estudios previos realizados en otros países, ST10, ST12, ST13 y ST14 son los subtipos más prevalentes en bovinos. *Blastocystis* ST10-ST14 constituyen las variedades genéticas adaptadas a infectar/colonizar herbívoros domésticos y salvajes.
3. El hallazgo de ST5, una variante genética frecuentemente reportada en suinos domésticos y salvajes, puede ser indicativa de eventos de transmisión inter-especies.
4. ST5 y ST12 han sido previamente reportados en humanos por lo que tienen potencial zoonótico.

Referencias

1. Calero-Bernal R, et al. *Blastocystis* sp. subtype diversity in wild carnivore species from Spain. J Eukaryot Microbiol. 2019, en prensa.
2. Paulos S, et al. Occurrence and subtype distribution of *Blastocystis* sp. in humans, dogs, and cats sharing household in northern Spain and assessment of zoonotic transmission risk. Zoonoses Public Health. 2018;65:993–1002.
3. Scanlan PD, et al. The microbial eukaryote *Blastocystis* is a prevalent and diverse member of the healthy human gut microbiota. FEMS Microbiol Ecol. 2014;90:326–330.
4. Sciicluna SM, et al. DNA barcoding of *Blastocystis*. Protist. 2006;157:77–85.