

MATERIAL SUPLEMENTARIO

Vigilancia epidemiológica viral en las nutrias (*Lontra longicaudis*) de la cuenca del río Peñas Blancas, Costa Rica

Andrea Porres-Camacho¹ , Carlos Jiménez-Sánchez² , Kinndle Blanco-Peña³ , Alexander Madrigal-Mora⁴ , Carolina Sancho-Blanco⁵ 

1. Universidad Nacional, Costa Rica. Posgrado Regional en Ciencias Veterinarias Tropicales (PCVET), Heredia, Costa Rica; andrea.porres.camacho@est.una.ac.cr
2. Universidad Nacional, Costa Rica. Laboratorio de Virología, Escuela de Medicina Veterinaria, Heredia, Costa Rica; carlos.jimenez.sanchez@una.cr
3. Universidad Nacional, Costa Rica. Instituto Regional de Estudios en Sustancias Tóxicas (IRET), Heredia, Costa Rica; kinndle.blanco.pena@una.cr
4. Instituto Costarricense de Electricidad (ICE), San José, Costa Rica; amadrigalmo@ice.go.cr
5. Universidad Nacional, Costa Rica. Laboratorio de Análisis Genómico (LAGen), Escuela de Ciencias Biológicas, Heredia, Costa Rica; carolina.sancho.blanco@una.ac.cr

Recibido 12-XII-2025 • Corregido 6-IV-2026 • Aceptado 22-IV-2026

DOI: <https://doi.org/10.22458/urj.v18i1.6302>

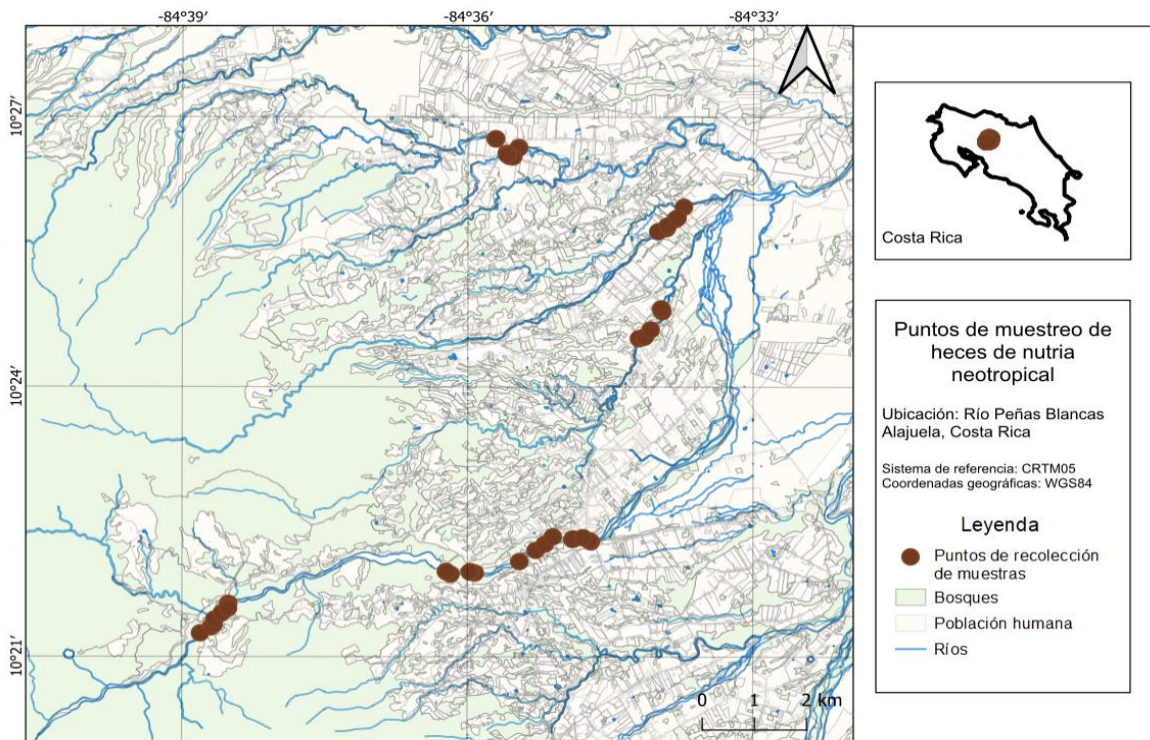


Fig. 1. Sitios de muestreo de heces de la nutria neotropical (*Lontra longicaudis*) en el río Peñas Blancas y sus tributarios, localizados en San Carlos, Alajuela, Costa Rica.

TABLA 1

Cebadores utilizados para la identificación de la especie y la detección de tres agentes virales en la nutria neotropical (*Lontra longicaudis*) de Costa Rica

Región	Cebadores	Secuencias	Tamaño (pb*)	Referencia
Región control mitocondrial (D-loop)	ProL	5'-CACCACCAACACCCAAAGCT-3'	255pb	(Guerrero et al., 2015)
	DLH	3'-CCTGAAGTAAGAACCAGATG-5'		
<i>Morbillivirus</i>	Morb1	5'-ATGTTTATGATCACAGCGGT-3'	429 pb	(Reidarson et al., 1998)
	Morb2	5'-ATTGGGTTGCACCACTTGTC-3'		
Influenzavirus A	M52C	5'-CTTCTAACCGAGGTCGAA ACG-3'	244 pb	(Fouchier et al., 2000)
	M253R	5'-AGGGCATTGGACAAAAG/T CGTCTA-3'		
Coronavirus	Cor-FW	5'-ACWCARHTVAAYYTNAARTAYGC-3'	251 pb	(Vijgen et al., 2008)
	Cor-RV	5'-TCRCAYTTDGGRTARTCCCA-3'		

*pb: pares de bases.

TABLA 2

Condiciones de ciclado para la detección viral en muestras fecales de *Lontra longicaudis*

Virus	Perfil térmico	Temperatura (°C)	Tiempo	Ciclos
<i>Morbillivirus</i>	Desnaturalización inicial	94	5 min	1
	Desnaturalización	94	90 s	35
	Alineamiento	55	2 min	35
	Extensión	72	1 min	35
	Extensión final	72	5 min	1
Influenzavirus A	Desnaturalización inicial	95	4 min	1
	Desnaturalización	95	1 min	40
	Alineamiento	45	7 min	40
	Extensión	72	3 min	40
	Extensión final	--	—	—
Coronavirus	Transcripción reversa	50	30 min	1
	Desnaturalización inicial	95	15 min	1
	Desnaturalización	94	30 s	50
	Alineamiento	48	30 s	50
	Extensión	72	1 min	50
	Extensión Final	72	10 min	1

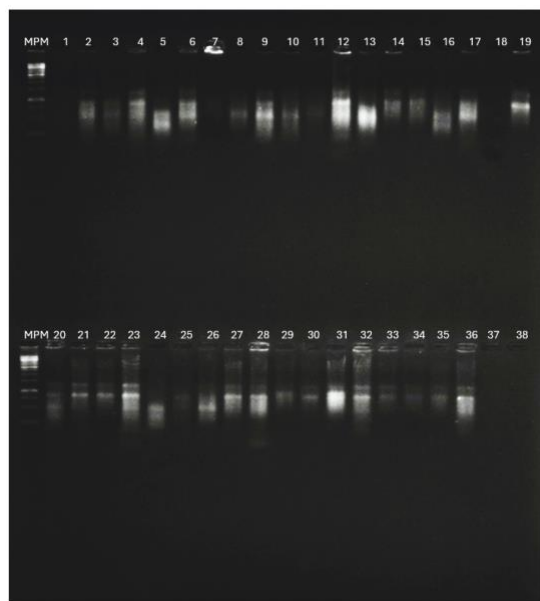


Fig. 2. Amplificación de ARN de muestras fecales de la nutria neotropical (*L. longicaudis*) en gel de agarosa al 1%. MPM: marcador de peso molecular (Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder)

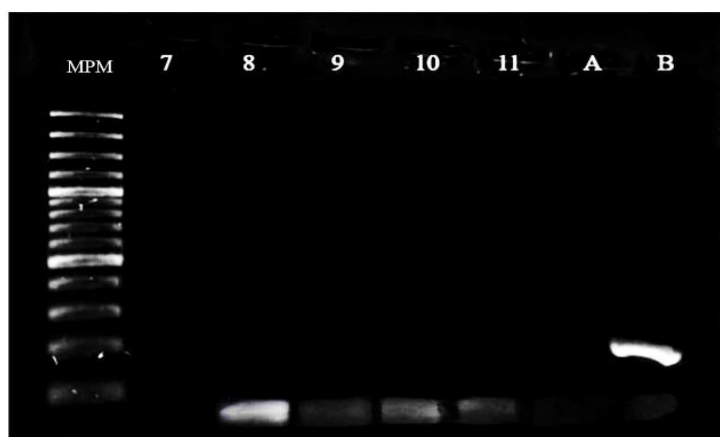


Fig. 3. Amplificación del virus de la Influenza A en la nutria neotropical (*L. longicaudis*) a partir de muestras fecales. MPM: marcador de peso molecular (Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder). 7, 8, 9, 10, 11: conjunto de muestras de ADNc de nutria neotropical. A: control negativo. B: control positivo (244 pb).

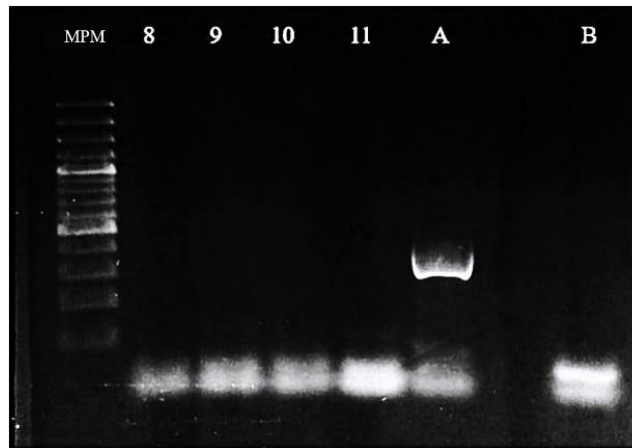


Fig. 4. Amplificación de morbillivirus en muestras fecales de la nutria neotropical (*L. longicaudis*). MPM: marcador de peso molecular 100 pb (Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder). 8, 9, 10, 11: conjunto de muestras de ADNc de nutria neotropical. A: control negativo. B: control positivo (429 pb).



Fig. 5. Amplificación de coronavirus en muestras fecales de la nutria neotropical (*L. longicaudis*). MPM: marcador de peso molecular (Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder). 6, 7, 8: conjunto de muestras de ADNc de nutria neotropical. A: control positivo (251 pb). B: control negativo.

BIBLIOGRAFÍA ADICIONAL

- Fouchier, R. A., Bestebroer, T. M., Herfst, S., van der Kemp, L., Rimmelzwaan, G. F., & Osterhaus, A. D. (2000). Detection of influenza A viruses from different species by PCR amplification of conserved sequences in the matrix gene. *Journal of Clinical Microbiology*, 38(11), 4096–4101. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.11.4096-4101.2000>
- Guerrero, J., Gallo-Reynoso, J. P., & Biek, R. (2015). Mitochondrial DNA diversity, genetic structure, and demographic history of the Neotropical otter (*Lontra longicaudis*) in Mexico. *Journal of Mammalogy*, 96, 1162–1173. <https://doi.org/10.1093/jmammal/gyv124>

- Reidarson, T. H., McBain, J., House, C., King, D. P., Stott, J. L., Krafft, A., Taubenberger, J. K., Heyning, J., & Lipscomb, T. P. (1998). Morbillivirus infection in stranded common dolphins from the Pacific Ocean. *Journal of Wildlife Diseases*, 34(4), 771–776. <https://doi.org/10.7589/0090-3558-34.4.771>
- Vijgen, L., Moës, E., Keyaerts, E., Li, S., & Van Ranst, M. (2008). A pancoronavirus RT-PCR assay for detection of all known coronaviruses. In X. Chevalier & J. Ziebuhr (Eds.), *SARS- and other coronaviruses: Laboratory protocols* (pp. 3–12). Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-59745-181-9_1

