

SEGUIMIENTO EPIDEMIOLÓGICO DE DISTINTOS BROTES DEL VIRUS DE PRRS EN UNA ZONA GEOGRÁFICA EN EL CENTRO DEL PAÍS (PARTE II)

*Angulo, J. R.¹, Díaz, E.¹, Robles, F.², Kolb, J.³, Ohlinger, V.⁴ y Pesch, S.⁴

¹Boehringer Ingelheim Vetmedica, Servicios Veterinarios; ²Boehringer Ingelheim Vetmedica, R&D; ³Boehringer Ingelheim GmbH;

⁴BioScreen, European Veterinary Disease Management Center GmbH.

INTRODUCCIÓN

El síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRS) sigue siendo la principal causa de pérdidas económicas en la industria porcina de México. El entendimiento de su epidemiología es un punto fundamental para lograr el control de esta enfermedad. Algunos autores han sugerido la importancia del control de este virus desde una perspectiva regional (1), sobre todo en zonas de alta densidad de cerdos, pues en este tipo de zonas geográficas el control del vPRRS de manera individual es muy complicado. El objetivo principal de este estudio fue realizar un seguimiento epidemiológico de distintos brotes clínicos de PRRS presentados en un orden cronológico similar en granjas ubicadas en la zona del centro del país, con este análisis se trató de entender lo siguiente: **1.** Determinar si existe relación epidemiológica entre las granjas que sufrieron el brote clínico por el virus de PRRS y **2.** Determinar si puede existir un impacto a nivel regional debido a una circulación viral en granjas ubicadas en una misma zona geográfica.

MATERIALES Y MÉTODOS

El seguimiento se realizó en 15 empresas durante 6 meses en 2004 y 2005, en la zona de Tehuacán, Puebla. A finales del 2004 se empezaron a presentar brotes clínicos de PRRS con diferente impacto clínico en orden cronológico, esta secuencias de brotes se presentó hasta junio de 2005. A la par que se fueron atendiendo estos casos para la resolución del problema clínico, se fueron documentando de manera cronológica cada una de las granjas. En las 15 empresas se realizó un esquema de diagnóstico integral, en donde se incluyó sinología clínica, parámetros productivos, serología, PCR, RFLP. En 7 empresas identificadas como G13; G14; G15; G3; G8 y G5 muestreando en diferentes sitios y edades. Se realizó secuenciación (ORF5) del virus de PRRS en el laboratorio de diagnóstico BioScreen en Alemania. En total fueron 19 sitios muestreados pertenecientes a las diferentes empresas. En estos sitios, el análisis epidemiológico molecular consistió en los siguientes puntos: **1.** Comparativo de los RFLP de cada granja, **2.** Árbol filogenético de cada uno de los virus secuenciados, **3.** Cuadro de porcentaje de homología entre los aislamientos y el virus vacunal (Ingelvac PRRS®) y **4.** Cuadro de homología entre los virus de campo aislados. En el análisis de homología se identificaron en cada sitio los virus con diferentes rangos de diferencia porcentual.

RESULTADOS

A continuación se muestran los resultados del análisis epidemiológico molecular de los 19 sitios. En el Cuadro 1, se muestra el dendograma de los virus aislados, y un cuadro donde se identifica la granja de los sitios, el patrón de corte por RFLP, la identificación de la muestra

en las secuenciaciones y el grado de homología sobre el virus vacunal (Ingelvac PRRS®). En el dendograma podemos observar un grupo genético de virus vacunal y seis de virus de campo. En estos 6 grupos se ven involucrados distintos sitios de distintas empresas en grupos similares. En el cuadro de homología entre los virus de campo se identificó un rango de diferencia genética de los distintos virus de campo en las diferentes empresas y sitios muestreados.

	Id	RFLP	Sec ID	Ingelvac PRRS
	G13(hemb)	252	279814	99.7
	G7(dest)	252	279811	99.7
	G13(hemb)	252	279813	99.8
	G13(dest)	252	279822	99.2
	G13(dest)	144	279815	91.2
	G13(hemb)	144	279816	91.2
	G15 (dest)	144	279825	90.7
	G8 (dest)	144	279830	91.7
	G8 (dest)	144	279831	89.9
	G3(eng)	144	279829	89.7
	G3(dest)	144	279827	90.5
	G3 (hemb)	144	279828	89.7
	G8 (dest)	144	279832	90
	G5 (hemb)	144	279833	90.7
	G5 (dest)	144	279834	90.5
	G14 (eng)	144	278921	91
	G14 (dest)	144	278918	90.9
	G14 (dest)	144	278919	91
	G14 (eng)	144	278920	91

Cuadro 1. Dendograma de virus secuenciados y cuadro de homología (%) con el virus vacunal.

ID	279811	279813	279815	279816	279818	279822	279827	279828	279829	279830	279831	279832	279833	279834
279811 (hemb)	100.00	99.00	91.00	98.00	91.00	91.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279813 (hemb)	99.00	100.00	91.00	98.00	91.00	91.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279815 (hemb)	91.00	91.00	100.00	94.00	94.00	91.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279816 (hemb)	98.00	98.00	94.00	100.00	94.00	91.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279818 (hemb)	91.00	91.00	94.00	94.00	100.00	91.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279822 (dest)	91.00	91.00	91.00	91.00	91.00	100.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279827 (dest)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279828 (hemb)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279829 (eng)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279830 (dest)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00	99.00	99.00
279831 (dest)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00	99.00
279832 (dest)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00	99.00
279833 (hemb)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00	99.00
279834 (dest)	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	99.00	100.00

Empresa	No sitios	% Diferencia genética (porcentual)
G14/G8/G15/G3/G5	5	1-3
G13/G14/G15/G8/G5/G3	6	4-5
G14/G13/G3/G5	4	6-7

Cuadro 2. Homología entre los virus secuenciados y cuadro comparativo de virus de campo secuenciados en cada una de las empresas y los rangos de homogeneidad de cada sitio.

DISCUSIÓN

Estos resultados integrados con la documentación cronológica, clínica y molecular de los brotes sugieren una relación epidemiológica entre la mayoría de estos casos clínicos considerando un impacto severo a nivel regional por una fuerte circulación del virus debido probablemente a factores como procesos de inoculación, transporte, aire, vectores, etc. los cuales se tendrían que profundizar aun mas para determinar con precisión estas variables. Actualmente se sigue llevando el monitoreo epidemiológico de estas granjas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Mondaca, F. E. (2004). Proc. 18th IPVS Congress, 1: Pp.104.