REGRESAR AL MENU

PREVALENCIA DEL VIRUS DEL SÍNDROME REPRODUCTIVO Y RESPIRATORIO PORCINO (PRRSV) EN SEMENTALES DE SONORA

Icedo, S., Reséndiz, M., Burgara, A. Hernández, J.
Laboratorio de Inmunología. Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C
Hermosillo, Sonora.

INTRODUCCIÓN

Un desafío de la industria porcina es contar con semen inocuo, ya que a través de éste pueden diseminarse un gran número de agentes infecciosos[2]. El virus PRRS (PRRSV) es responsable de la enfermedad más importante de la industria porcina[1]. La prevalencia reportada en verracos es hasta del 96% en zonas endemicas[3]. En este estudio se evaluó la prevalencia de PRRSV y las características genéticas del PRRSV en semen y suero de verracos de Sonora.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este fue estudio descriptivo, transversal con un muestreo aleatorio probabilístico en poblaciones abiertas y separadas. De 265 granjas de Sonora se incluyeron 20, y de 438 verracos, se seleccionaron 140. Se obtuvo sangre y semen para extraer ARN viral para realizar la RT-PCR Tiempo Real. Los productos de PCR del gen ORF5 fueron secuenciados y se compararon con la secuencia VR-2332.

Tabla 1. Sementales positivos a PRRSV y categoría según su carga viral expresada en copias de ARN/mL.

Muestra	Semen	Suero
Total (+)	40	53
Prevalencia	28.6%	37.8%

RESULTADOS

El 80% (18/20) de las granjas presentaron sementales positivos, solo dos granjas fueron negativas. Del total de las muestras analizadas (n=140), el 53.5% fueron positivas a PRRSV al menos en suero o semen. El análisis del gen ORF5, muestra 5 grupos principales (Fig. 1). El grupo A integra las secuencias de la granja G8. El grupo B por la granja G7. El grupo C sugiere que las granjas G2 y G3 comparten el mismo virus. El grupo D se formó por dos secuencias de la granja G2. El grupo E incluye 2 granjas aledañas a Hermosillo.

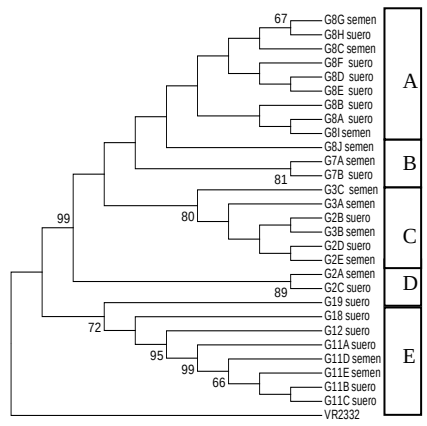

Figura 1. Dendograma de alineamiento basado en 522pb ORF5

DISCUSIÓN

Los resultados sugieren riesgo de diseminación del virus vía semen. Diferencias en las cargas virales y la presencia o ausencia del PRRSV en semen y suero manifiesta gran variabilidad. Las secuencias presentan una identidad <95%, lo que sugiere que son virus no relacionados genéticamente. Se demostró que granjas cercanas comparten virus homólogos, e incluso pueden circular subtipos de otra granja, coexistiendo ambos en la población de sementales.

Bibliografía:

1.Cho,J.G., Dee. S. A.(2006) Theriogenology 66:655-2.
2.Christopher-Hennings, J., Holler L. D., Benfield D. A. , Nelson E. A. (2001).J Vet Diagn Invest. 13:133-42.
3. Maes, D. (1997). Epidémiol. Santé Anim 31, 31-32.