



IMPLEMENTACION DE UN PROGRAMA DE DIAGNOSTICO INTEGRAL PARA LA IDENTIFICACIÓN DEL VIRUS DE INFLUENZA PORCINA.

Beltran, FR¹, Sánchez, BJI¹, Herradora LMA¹, Martínez RR.², Trujillo, OME.¹

¹Departamento de Producción Animal Cerdos. FMVZ, UNAM, México D.F.

INTRODUCCIÓN

El virus de la influenza porcina se asocia como agente primario del Complejo Respiratorio Porcino de tal manera que los cerdos han sido implicados como huéspedes intermediarios del virus debido a que en el tracto respiratorio presentan células epiteliales donde se puede llevar a cabo la replicación del virus de influenza aviar y humana, por este motivo es importante identificar y conocer la dinámica de infección así como la identificación de RNA viral específico. El oportuno y rápido diagnóstico de los subtipos que circulan dentro de una granja es de vital importancia para implementar estrategias de prevención control y tratamiento.

MATERIAL Y MÉTODOS

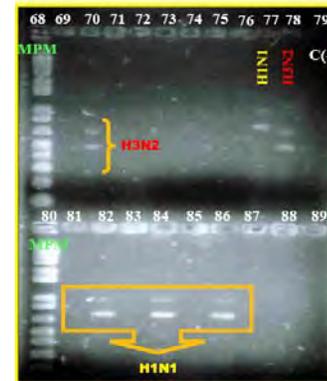
Se realizó un estudio longitudinal en cerdos de la línea de producción, se colectaron 111 muestras de suero e hisopo nasal de las 4, 8, 12, 16, 20 y 24 semanas de edad. Para la aplicación del diagnóstico integral se utilizó la técnica de IH para la identificación de Ac's y para la detección de RNA viral específico se utilizó la técnica de RT PCR múltiple descrita por Beltran *et al.*, 2007.

Los títulos obtenidos de IH se transformaron a una base logarítmica para realizar el análisis estadístico aplicando el análisis de varianza entre tratamientos ($P < 0.05$). La diferencia de medias se determinó mediante la prueba de Tukey. La Ji-cuadrada se realizó para evaluar las diferencias en los porcentajes de animales positivos y negativos por tratamiento.

RESULTADOS

Diagnóstico serológico: El porcentaje de seroprevalencia para el subtipo *H1N1* en la semana 4 fue de 100% posteriormente en la semana 8 descendió a un 73%, para la semana 12 presentó un incremento al 94%, para la semana 16, 20 y 24 se obtuvo un 100% de seropositividad. Para el subtipo *H3N2* se observó un 75% de seropositividad en la semana 4, en la semana 8 y 12 el 36% y 83% respectivamente. Existió diferencia estadísticamente significativa ($P < 0.05$) para el subtipo *H1N1* entre la semana 8 de edad respecto a las 4, 16 y 24 semanas de edad; el subtipo *H3N2* presentó diferencia significativa ($P < 0.05$) de la semana 8 comparado con la semana 4, 16, 20 y 24, sin embargo no presentó diferencia estadística entre las 8 semanas de edad con las 12 semanas.

Diagnóstico molecular: La identificación de ácido nucleico viral para el subtipo *H1N1* fue de 1.8% en suero y 6.3% en hisopo nasal, para el subtipo *H3N2* se identificó el 5.4% en hisopo nasal en donde existió diferencia estadísticamente significativa ($P < 0.05$) no se encontraron resultados positivos en muestras de suero.



Gel de Agarosa al 2% teñido con Br-E. Carril 68,80 MPM= Marcador de Peso Molecular, 1 Kb Plus DNA Ladder®. Carril 70 muestra de hisopo positiva al subtipo H3N2 en la línea de producción de 4 semanas de edad. Carril 77 control positivo subtipo H1N1. Carril 78 control positivo subtipo H3N2. Carril 79 control negativo. Carril 82, 84 y 86 muestras de hisopos positivas al subtipo H1N1 en la línea de producción de 8 semanas de edad.

DISCUSIÓN

Debido al elevado porcentaje de morbilidad que repercute directamente en el impacto negativo de los parámetros de producción, es importante evaluar las herramientas diagnósticas disponibles de manera que se pueda entender su correcta aplicación para identificar el comportamiento del virus de influenza porcina dentro de diferentes sistemas de producción.

El uso simultáneo de la técnica de RT-PCR múltiple, permite identificar con una alta sensibilidad y de manera muy oportuna algún subtipo de influenza como el *H1N1*, *H3N2* o incluso el subtipo *H1N2* que aún no ha sido reportado en México. Esta integración de técnicas nos dará la información sobre la dinámica de infección del virus dentro de la granja y nos permitirá identificar el grupo de animales que portan el virus (PCR), así como a aquellos animales que ya han sido afectados por el virus y que son negativos a PCR pero tienen anticuerpos (IH); ambos panoramas nos permitirá identificar la dinámica de infección asociado a la presentación clínica, lo que nos permite entender el proceso de la enfermedad en la piara, esto nos permitirá intervenir oportunamente para controlar y prevenir el proceso de infección.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.

1. Webby RJ, Erickson G. Multiple lineages of antigenically and genetically diverse influenza A virus co-circulate in the United States swine population. *Virus Res.* 2004;103:67-73.