



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Veterinarias -Programa de Doctorado en Ciencias
Agropecuarias

**Estudios de campo de *Mycoplasma hyopneumoniae*,
Circovirus porcino tipo 2 y *Actinobacillus
pleuropneumoniae*, en plantales de producción intensiva de
cerdos en Chile**

VÍCTOR MANUEL NEIRA RAMIREZ
CONCEPCIÓN-CHILE
2012

Profesor Guía: Álvaro Ruiz Garrido
Dpto. de Patología y Medicina Preventiva, Facultad de Cs Veterinarias
Universidad de Concepción

RESUMEN

En Chile, los cuadros asociados a *Mycoplasma hyopneumoniae* (*M hyo*), Circovirus porcino tipo 2 (PCV2) y *Actinobacillus pleuropneumoniae* (*App*), pueden ser considerados como los de mayor relevancia tanto a nivel respiratorio (*M hyo*, *App*), como sistémicos (PCV2), siendo ambos muy importantes desde el punto de vista económico y sanitario en Chile y el mundo. En el país es escaso el conocimiento científico de estos tres patógenos y, en general, existen muy pocas publicaciones que describan el estatus sanitario y existiendo principalmente solo reportes informales. Así el presente trabajo tuvo por objetivo contribuir al conocimiento de estos patógenos en Chile, con especial énfasis en conocer el estatus de sus infecciones y determinar la diversidad genética de estos.

Lo anteriormente mencionado se llevó a cabo realizando cinco estudios. Dos de ellos se enfocaron en *M hyo*, los que tuvieron como objetivo determinar la prevalencia y dinámica de seroconversión de *M hyo*, utilizando ELISA, y determinar la diversidad y variabilidad genética del patógeno, secuenciando el gen de la proteína P146, en plantales de producción intensiva de mono y multisitio. Mediante otros dos estudios se estudió el cuadro de desmedro multisistémico *post*-destete (PMWS, por sus siglas en inglés) y PCV2 en Chile, analizando y describiendo lesiones según el sistema productivo. El conjunto de datos obtenidos permitió generar un modelo de regresión logística que ayuda a predecir el diagnóstico del cuadro y conocer la variabilidad genética de PCV2 obtenida de los cerdos positivos para PMWS, mediante secuenciación viral y PCRs selectivos. Finalmente, en el caso de *App* se estudió la variabilidad y distribución de serotipos en el país, evaluando aislados obtenidos desde mono y multisitios, utilizando una técnica rápida de PCR.

Los resultados obtenidos para *M hyo* (Capítulo 2) determinaron que la prevalencia serológica general fue de un 44,5%, variando entre monositios y multisitios; 62,5% y 33,3%, respectivamente, la cual fue estadísticamente significativa. Asimismo, fue posible observar diferencias en los seroperfiles agrupándose en tres categorías principales: El 19% de los planteles presentaron inmunidad pasiva sin seroconversión, el 38% presentaron inmunidad pasiva superpuesta con seroconversión y, finalmente, un 43% presentó inmunidad pasiva y seroconversión sin superposición de estas respuestas. Por su parte, los resultados de la secuenciación de P146 demostró la inexistencia de variabilidad genética de *M hyo* en los diferentes planteles en estudio para el gen evaluado, evidenciando la posible falta de sensibilidad en la técnica (Capítulo 3).

Los estudios de PCV2 y PMWS determinaron que todos los planteles evaluados presentaron a lo menos un animal con Circovirus clínica, sin mostrar diferencias significativas entre tipo de plantel. Asimismo, el modelo de regresión logística evidenció que la lesión de depleción, desorganización e infiltrado de folículos linfoides en linfonódulos de carácter moderado a grave fue el factor más importante para considerar a un animal positivo, en tanto el sistema productivo (monositios) resultó ser protector, es decir, fue más complejo encontrar animales positivos a PMWS entre sospechosos de monositio que de multisitios, probablemente debido a que los monositios podrían presentar un nivel sanitario menor confundiendo la selección de sospechosos debido a otras patologías (Capítulo 4). A su vez, el análisis genético PCV2, mediante PCR y secuenciación, la primera permitió identificar certeramente 13 (61%) de 21 muestras evaluadas que provenían desde 12 granjas, mientras que mediante secuenciación pudo ser desarrollada en todos los aislados. Esta última, permitió realizar el análisis filogenético, que demostró la presencia de dos grupos, ambos relacionados con PCV2b, el primero representado por 12 granjas, lo que coincidió con la detección de PCR

selectivo de PCV2b y el otro clúster, con 6 granjas, coincidentemente reunió a los no detectados por el PCR. Los resultados demostraron que el virus se encuentra conservado en el país y solo son dos “tipos virales” se que encontraron en los planteles, sin gran variabilidad y ambos del genotipo PCV2b. Esto, a pesar de que los aislados fueron obtenidos en diferentes años y en diferentes regiones geográficas, lo que sugiere que el virus en Chile se presentó estable (capítulo 5). Finalmente, el trabajo de *App* demostró la existencia de solo los serotipos 4, 6 y 7, todos descritos por primera vez en Chile, siendo el más frecuente el serotipo 7. En las diferentes zonas estudiadas, no existió un serotipo predominante, excepto en las regiones de O’Higgins y la región del Biobío en las cuales fue más frecuente aislado el serotipo 7.

Este estudio ha demostrado la inexistencia de variabilidad en la presentación de los cuadros y en aquellos que sí existe, probablemente pueda ser debido a factores externos al patógeno, dado que la variabilidad genética de los patógenos en estudio es muy baja entre los planteles analizados, lo que sugiere que existiría también escasa o nula variabilidad dentro de cada uno de los planteles. Así, este trabajo permitió establecer una línea base en el conocimiento de estos patógenos en Chile; sin embargo, se hacen necesarios más trabajos para complementar la información obtenida y evaluar cambios en el tiempo.