

# III CONGRESO DE LA ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO

## COMUNICACIONES ORALES SANIDAD

JUEVES, 22 NOVIEMBRE 2012



**anavepor**  
ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO

ZARAGOZA DEL 21 AL 22 DE NOVIEMBRE DE 2012

# III CONGRESO DE LA ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO



## ¿Son importantes los sapovirus porcinos en Aragón?

N. HALAIHEL, I. DE BLAS, O. GIRONÉS, T. PÉREZ,  
H. FUERTES, A. MUNIESA Y J. BUESA



## ¿SON IMPORTANTES LOS SAPOVIRUS PORCINOS EN ARAGÓN?

N. Halaihel<sup>1</sup>, I. De Blas<sup>1</sup>, O. Gironés<sup>1</sup>, T. Pérez<sup>1</sup>, H. Fuertes<sup>1</sup>, A. Muniesa<sup>1</sup>, J. Buesa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Dpto. Patología Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Zaragoza

<sup>2</sup>Dpto. de Microbiología, Universidad de Valencia

halaihen@yahoo.com

**Introducción:** Los sapovirus (SAVs) son patógenos entéricos emergentes que causan diarrea en humanos y animales. Los SAVs humanos son genéticamente variables y se han clasificado en varios geno-grupos (GI, II, IV, y V, VI, VII, VIII, IX y X). Tanto los SAVs humanos, como los porcinos, han sido descritos como posibles patógenos causantes de diarrea en edades tempranas. Pertenecen a la misma familia de Calicivirus entéricos. El hecho de que algunos de ellos estén genéticamente relacionados con los calicivirus humanos hace sospechar de una posible zoonosis. O bien que el cerdo sea un reservorio natural para la propagación entre especies.

**Material y Métodos:** En el presente trabajo se ha estudiado la incidencia, la diversidad genética y la epidemiología molecular de sapovirus detectados en cerdos de producción intensiva en la Comunidad Autónoma de Aragón, entre 2009 y 2011. Un total de 212 muestras de heces procedentes de 44 granjas de cerdos fueron recogidas y analizadas por la técnica de PCR a tiempo real con sonda Taqman. Los resultados positivos fueron confirmados por secuenciación.

**Resultados y Discusión:** Los sapovirus se detectaron en 22 muestras (10,4%) de las recogidas en 20 granjas (45,45%). La prevalencia más alta se observó entre los lechones de 2-8 semanas y no hubo una diferencia significativa en la proporción de resultados positivos a sapovirus entre animales sanos o animales con diarrea. En base a la secuenciación de la región de ARN-polimerasa del virus, se identificó un geno-grupo entre las diferentes poblaciones, indicando una alta homogeneidad de los virus que fueron identificados como de genotipo (III). Este Genotipo, tenía la homología hasta el 66% a nivel de aminoácidos con algunas de las cepas de sapovirus humanos. A diferencia de las observaciones en otros países europeos no se ha detectado agrupamientos distintos de las diferentes zonas geográficas muestreadas.

**Conclusiones:** El sapovirus es endémico y circula entre las explotaciones de cerdos en Aragón sin causar una enfermedad aparente. Los virus aislados se agrupan en un solo geno-grupo (secuenciación de la RNA polimerasa). Esto puede ser debido a que no se importa lechones desde fuera de la región. Además, los diferentes sapovirus estudiados no tienen una homología significativa en sus secuencias con los grupos conocidos como "sapovirus humanos" lo que descarta, por el momento, una posible transmisión entre la especie porcina y la especie humana.

**III CONGRESO  
DE LA ASOCIACION  
NACIONAL  
DE VETERINARIOS  
DE PORCINO**



## **Salmonelosis subclínica en lechones: ¿debería preocuparnos?**

O. DEZA, S. ANDRÉS Y R.C. MAINAR-JAIME



## SALMONELOSIS SUBCLÍNICA EN LECHONES: ¿DEBERÍA PREOCUPARNOS?

O. Deza, S. Andrés y R.C. Mainar-Jaime

Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA) de Aragón

Avda. Montañana, 930. 50059 Zaragoza

[rmainar@aragon.es](mailto:rmainar@aragon.es)

Introducción: Son escasos los estudios que se han ocupado de la dinámica de la infección por *Salmonella* en las primeras semanas de vida de los cerdos. La estimación de la prevalencia y seroprevalencia en lechones procedentes de explotaciones positivas y la caracterización de las cepas de *Salmonella* implicadas ayudarán a entender la importancia de esta infección en esta fase productiva.

Material y Métodos: Se analizaron 210 lechones de 4 semanas de vida (sv) y 99 de 6 sv procedentes de 3 granjas positivas a *Salmonella* y sacrificados en un matadero comercial. Se recogieron nódulos linfáticos mesentéricos (NLM) y contenido fecal para microbiología y jugo muscular (músculo diafragma) para serología. Todos los aislados de *Salmonella* se enviaron para su serotipificación.

Resultados y Discusión: La prevalencia de *Salmonella* fue 14,6%, similar al porcentaje de lechones excretando el patógeno (14,2%). La prevalencia varió entre granjas (5,8%, 12,7% y 25%;  $P<0,001$ ). Se observó una relación significativa entre *Salmonella* en NLM y excreción ( $OR_{MH} = 14,1$ ). Este OR fue mucho mayor para los lechones de 6 sv comparado con los de 4 sv ( $OR=90$  vs.  $OR=6,3$ ). La seroprevalencia global ( $DO\geq 20\%$ ) fue 38,5%, y fue significativamente mayor a las 4 sv, lo que podría estar relacionado con un descenso de la inmunidad materna a las 6 sv. No se observaron diferencias entre edades con respecto a prevalencia o excreción. A las 4 sv, la prevalencia más alta (25%) se observó en la granja donde el 70% de los cerdos presentaron  $DO<20\%$ . De 29 aislados serotipados hasta ahora, el serotipo más común es Rissen (17 cepas), seguido de Derby (4). Los resultados indican que los lechones procedentes de granjas infectadas con *Salmonella* están claramente a riesgo de contraer la infección, y este riesgo puede estar influenciado por las características de la explotación. La excreción continua suele observarse durante 7-10 días tras la infección, por lo que el alto OR observado a las 6 sv indicaría que la mayoría de las infecciones en este grupo ocurrieron en la semana previa al sacrificio (5ª semana de edad). La magnitud de la asociación entre la infección y la eliminación sugiere que los lechones actúan como excretores activos de *Salmonella*.

Conclusiones: La infección durante las 1<sup>as</sup> semanas de vida podría estar asociada con bajos niveles de inmunidad maternal o con el descenso natural de esta inmunidad. El serotipado de los aislados de lechones y de madres permitirá determinar la principal fuente de infección en los primeros.