

Complejo Respiratorio Porcino: hallazgo de infecciones por circovirus porcino tipo II con la técnica de reacción en cadena de la polimerasa

Tonini, M. F.¹; Paz, M. E.¹; Lotto, B.¹; Favaro, P.¹; Gollan, A.¹; Blainq, L.¹; Sanchez, A.³; Canal, A.; Passeggi, C.¹; Campa, M.²; Occhi, H.¹.

¹Cátedra de Virología, Facultad de Ciencias Veterinarias. ²Cátedra de Producción de Cerdos. Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad Nacional del Litoral. ³Laboratorio de Histopatología

hocchi@fcv.unl.edu.ar

“Estudio de agentes virales y bacterianos responsables en el complejo respiratorio, que afectan la salud porcina”. CAI+D 2011. UNL

El Complejo Respiratorio Porcino (CRP), es una entidad patológica muy frecuente en los establecimientos de cría de porcinos. Es una enfermedad que no está causada por un único microorganismo, sino que habitualmente se deben a la interacción de distintos patógenos víricos como influenza porcina, virus de la enfermedad de Aujeszky, Circovirus porcino tipo 2 (PCV2) y bacterianos como *Mycoplasma hyopneumoniae*, *Actinobacillus pleuropneumoniae*, *Bordetella bronchiseptica*. El PCV2, fue aislado por primera vez en 1998 en USA en cerdos con síndrome multisistémico de adelgazamiento post-destete (SMAP). En nuestro país los primeros casos de SMAP fueron reportados por Sarradell y col. en el año 2001, mientras que el primer reporte de síndrome de dermatitis y nefropatía porcino (SDNP) fue realizado por Perfumo y col. en el año 2003. Pertenecen a la familia Circoviridae del género Circovirus. Es un virus ADN circular de cadena sencilla, pequeño, sin envoltura, icosaédrica. Se dirige a los tejidos linfoides donde se replica lo que lleva al agotamiento de linfocitos, lo que conduce a la destrucción de folículos linfoides, leucopenia e inmunodepresión. Ha sido implicado como el agente etiológico principal del Síndrome multisistémico de desmedro post destete. Afecta a cerdos 7 a 16 semanas de edad produciendo signos respiratorios, signos digestivos, ictericia, retardo en el crecimiento, pérdida de peso y depresión. El órgano más afectado es el pulmón con neumonía, hiperemia y consolidación de los lóbulos craneoventrales, también ganglios linfáticos aumentados de tamaño sobre todo los mesentéricos, hidropericardio, ascitis, presencia de manchas blanquecinas difusas en hígado y riñones. Microscópicamente se evidencian lesiones en pulmón, como neumonía bronco-intersticial con infiltrado granulomatoso, en ganglios linfáticos depleción linfática en folículos, depleción linfocitaria en las placas de peyer y lo más característico es la presencia de macrófagos formando células gigantes multinucleadas y moderada cantidad de polimorfonucleares. En el presente trabajo nos propusimos demostrar la presencia de Circovirus porcino tipo 2 a partir de muestras obtenidas en necropsias de animales con merma de peso, signología respiratoria y ocasionalmente diarrea, mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). En el laboratorio de Virología FCV-UNL se procesaron 37 muestras. Trabajamos con pulmones en su mayoría y ganglios linfáticos que llegaron de distintos establecimientos de la provincia de Santa Fe y Entre Ríos del año 2013, 2014 y 2015 de animales entre 4 a 15 semanas de edad. Anteriormente se les realizó en el laboratorio de histopatología (HPT) la técnica de fijación en parafina y tinción con hematoxilina y eosina. Para la técnica de PCR se realizó extracción del ADN con el método Wizard Genomic DNA Purification Kit Cat.#A1120 a tejido animal fresco o descongelado, se homogeneizó con la solución lisis núcleo con el microprocesador (disperser), se le agregó la precipitación de proteínas con la solución RNasa, seguido de la deshidratación con isopropanolol y etanol 70% y finalmente la hidratación con la solución re hidratante de ADN. La amplificación del material genético obtenido se realiza utilizando primers específicos CVF: CGA GAA AGC GAA AGG AAC AGA, y CVR: GGT AAC CAT CCC ACC ACT T durante 3hs en el termociclador y el tamaño del producto amplificado es 371 pb. La electroforesis o corrida en un gel de agar a 35 MV, 400 MA, durante 40 minutos y por ultimo lectura en transiluminador. De las 37

muestras (100%), 11 (29%) reaccionaron a la técnica de PCR y 12 (32%) presentan lesiones histopatológicas características como células gigantes y polimoronucleares, compatibles con circovirus. De las muestras positivas hay una fuerte relación entre los hallazgos histopatológicos y los resultados de la técnica de PCR siendo éstos altamente significativos. Los resultados indicarían una amplia difusión del virus en las pjaras estudiadas en la región, por lo que deberían realizarse estudios más profundos para poder confirmarlo.

Bibliografía

1. **Harding J.** 1996. Postweaning multisystemic wasting síndrome (PMWS). Preliminary epidemiology and clinical presentation. Proc. West. Can. Assoc. Suine Pract. 1996:22-25
2. **Noriega, J., Reyes, P.; Bucarey, S.** (2007). Circovirus porcino: un virus pequeño que genera un gran problema. Avances en ciencias veterinarias- Vol 22, pp. 62-71.
3. **Segalés J.** (2012). Porcine circovirus type 2 (PCV2) infection: clinical signs, pathology and laboratory diagnosis. Virus Res. 164:10-19