



Detección de patógenos de importancia epidemiológica en cerdos ferales de Chihuahua y Durango, México



Mario Enrique Haro Tirado ^a

José Martín Fuentes Rodríguez ^b

Claudia Chacón Zendejas ^c

Alberto Lafón Terrazas ^c

Luis Lecuona Olivares ^d

Rodolfo Pineda Pérez ^e

Rosalba Carreón Nápoles ^{a*}

^a Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos. Avenida Universidad 3000, 04510 Coyoacán Ciudad de México, México.

^b Asesor privado. México.

^c Protección de la Fauna Mexicana, A.C. México.

^d USDA APHIS/México.

^e Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas, Reserva de la Biósfera La Michilía. México.

*Autor de correspondencia: rcn@unam.mx

Resumen:

El objetivo de este trabajo fue evaluar en cerdos ferales la presencia de *Salmonella* spp (Spp), el virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (VPRRS), circovirus porcino tipo

2 (PCV2), virus de influenza porcina (VIP), virus de diarrea epidémica porcina (VDEP), *Mycoplasma hyopneumoniae* (Mhyo) y *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App). Las muestras se obtuvieron de cerdos en los estados de Chihuahua y Durango, México. Las pruebas analizadas para los animales de Chihuahua fueron hisopado nasal para VIP, hisopado rectal para Spp y VDEP, suero para VPRRS y PCV2, pulmón, hígado y linfonodos para Spp, VIP, VPRRS y PCV2, así como suero para pruebas serológicas. De los animales del estado de Durango se recolectó hisopado nasal para VIP, hisopado rectal para Spp y VDEP, y suero para PCV2 para estudios moleculares y serológicos. Los resultados moleculares en ambos estados mostraron muestras positivas para PCV2, 73.3 % en Chihuahua y 91.3 % para Durango, de igual forma se obtuvieron dos muestras positivas para Spp en el estado de Chihuahua (13.3 %) y una en Durango (6.6 %), para VIP hubo dos positivas (8.7 %) en Durango. Para VPRRS y VDEP, las muestras fueron negativas en ambos estados. Los resultados serológicos en cerdos de los dos estados mostraron positividad para PCV2, Spp y App. Las muestras fueron negativas para VPRRS, VDEP y Mhyo en ambos estados. Es importante remarcar la detección molecular y serológica de cerdos ferales positivos a diversos agentes infecciosos importantes en la producción porcina con repercusiones zoonositarias en la salud pública, que implica una relevancia epidemiológica de estos animales en el contexto de “una salud”.

Palabras clave: Cerdos ferales, Salmonelosis, Influenza, Circovirus porcino tipo 2, PRRS, Diarrea epidémica porcina.

Recibido: 26/03/2023

Aceptado: 04/07/2023

Los cerdos ferales son animales que viven de manera silvestre y están ampliamente distribuidos a nivel mundial. Debido a las afectaciones que ocasionan a la agricultura, a la ganadería y a los recursos naturales; así como su interferencia con otras especies, se consideran como especie invasora⁽¹⁻²⁾. En México, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) ha reportado la presencia de estos animales principalmente en los estados del Norte, en particular en el Cañón de Santa Elena en Chihuahua y en la Reserva de la Michilía localizada en el estado de Durango, asimismo en la Laguna de Términos en Campeche y algunas zonas del Centro de México.

Diversos estudios han demostrado que los cerdos ferales pueden ser una fuente importante de enfermedades de origen bacteriano como brucelosis, viral como Aujeszky y parasitario como triquinosis, lo que representa un riesgo en la salud pública y animal⁽³⁻⁶⁾. Actualmente en México existe poca información sobre el aspecto sanitario de estos animales, la

información disponible indica que en los estados de Baja California Sur y Durango se ha detectado la presencia de influenza porcina, leptospirosis, salmonelosis y brucelosis⁽⁷⁻⁸⁾. Para ampliar la información sanitaria disponible hasta ahora, en el presente estudio se determinó la presencia y frecuencia de *Salmonella spp* (Spp), virus del síndrome respiratorio y reproductivo del cerdo (VPRRS), circovirus porcino tipo 2 (PCV2), virus de influenza porcina (VIP), virus de diarrea epidémica porcina (VDEP), *Mycoplasma hyopneumoniae* (Mhyo) y *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App) en muestras colectadas en cerdos ferales de los estados de Chihuahua y Durango, México.

Durante el período de 2019 a 2020, con el apoyo del programa de control del cerdo feral en el Cañón de Santa Elena, Chihuahua y en la Reserva de la Biosfera la Michilía, Durango, se logró capturar de manera oportunista a 15 y 23 animales respectivamente de ambos sexos y diferentes tallas. Posterior a la captura los animales se sacrificaron en el lugar del trampeo de acuerdo a los lineamientos de la NOM-033-SAG/ZOO-2014. De manera inmediata al sacrificio se hizo la colecta de muestras biológicas de los animales: hisopos nasales y rectales, los cuales se almacenaron en medio esencial mínimo (MEM) como medio de transporte hasta su análisis. En los hisopos nasales se determinó la presencia de VIP y en los rectales Spp y VDEP mediante PCR.

De todos los cerdos se tomaron muestras de sangre de la vena cava anterior empleando una aguja de 16G x 4 pulgadas y se colocaron en un tubo con gel separador, posteriormente se centrifugaron a 1,500 rpm durante 10 min, y el suero se almacenó en refrigeración hasta su análisis para VPRRS y PCV2 por PCR y anticuerpos de VPRRS, PCV2, App, Mhyo, Spp y VDEP. Para el caso de los animales capturados en Chihuahua se logró obtener también órganos como pulmón, hígado y linfonodos, colectando un fragmento aproximado de 5 cm de cada uno, los cuales se colectaron en bolsas de plástico nuevas que se almacenaron en congelación a -20 °C hasta el análisis de Spp, VIP, VPRRS y PCV2. Todas las determinaciones se llevaron a cabo en el laboratorio de diagnóstico del Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Para los estudios moleculares se realizó la extracción de ácidos nucleicos de las muestras nasales, rectales, suero y tejidos utilizando el kit comercial (QIAamp cador Pathogen Mini Kit QIAGEN) siguiendo las instrucciones del fabricante. Posteriormente se realizó la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) en tiempo real, para lo cual se utilizó un kit de tipo comercial (GeneReach Pockit) para cada uno de los agentes mencionados; estos kits se utilizaron bajo el protocolo para cada uno de los agentes con su respectivo control positivo y negativo; la interpretación como positivas fue con un CT igual o menor a 35 de acuerdo al proveedor. Las pruebas serológicas se realizaron utilizando kits comerciales para Spp (Idexx Laboratories Inc), PCV2 (BioNote Inc.), VPRRS (Civtest Suis PPRS A/S Hipra), VDEP (ID Screen PEDV indirect), Mhyo (Civtest Suis MHYO Hipra) y App (ID Screen App Screening

indirect); se realizó la metodología y la interpretación de acuerdo con las instrucciones del proveedor.

Para el análisis de la información, debido a la no homogeneidad entre las muestras, así como al poco número de éstas y la ausencia de otro tipo de información de los animales muestreados, se realizó una estadística descriptiva, obteniendo los porcentajes de muestras positivas para cada agente etiológico en cada estado.

En los dos estados analizados, por medios moleculares se detectaron 11 muestras positivas para PCV2 (73.3 %) en Chihuahua y 21 (91.3 %) en Durango; de igual manera se obtuvieron dos muestras positivas para Spp en el grupo de Chihuahua (13.4 %) y una para Durango (6.6 %). Para el caso de VIP hubo dos muestras positivas (8.7 %) en Durango. En el caso de VPRRS y VDEP las muestras fueron negativas en ambos estados (Cuadro 1).

Cuadro 1: Número de muestras positivas y negativas a diferentes patógenos en cerdos ferales de los estados de Chihuahua y Durango: 2019-2020

Agente	Chihuahua		Durango	
	(+)	(-)	(+)	(-)
VIP	0	15	2	21
<i>Salmonella</i> spp	2	13	1	-
VDEP	0	15	0	23
VPRRS	0	15	0	23
PCV2	11	4	21	2

VIP= virus de influenza porcina; VDEP= virus de diarrea epidémica porcina; VPRRS= virus del síndrome respiratorio y reproductivo del cerdo; PCV2= circovirus porcina tipo 2.

Los resultados de serología mostraron 12 (80 %) muestras positivas hacia PCV2 y 13 para *Salmonella* (56.5 %) respectivamente, también se identificaron 2 (13.3 %) muestras positivas para Spp en Chihuahua y 23 (100 %) para Durango. Para App hubo dos muestras positivas (2.6 %) para Chihuahua y 23 (100 %) para los animales de Durango. Las muestras resultaron negativas para VPRRS, VDEP y Mhyo en todas las muestras Cuadro 2.

Cuadro 2: Número de muestras positivas y negativas por serología a diferentes patógenos en cerdos ferales de los estados de Chihuahua y Durango: 2019-2020

Agente	Chihuahua		Durango	
	(+)	(-)	(+)	(-)
<i>Salmonella</i> spp	3	12	23	0
PCV2	12	3	13	10
VPRRS	0	15	0	23
VDEP	0	15	0	23
Mhyo	0	15	0	23
App	2	13	23	0

PCV2: circovirus porcino tipo 2; VPRRS= virus del síndrome respiratorio y reproductivo del cerdo; VDEP= virus de la diarrea epidémica porcina; Mhyo= *Mycoplasma hyopneumoniae*. App= *Actinobacillus pleuropneumoniae*.

El alto número de muestras positivas que se detectaron en suero y en órganos para PCV2 en ambos estados sugiere que este virus circula activamente en la población de cerdos ferales muestreada, lo cual concuerda con lo reportado en otros informes similares⁽⁹⁻¹¹⁾. Lo anterior puede sugerir que el cerdo feral podría ser un reservorio para cerdos domésticos o viceversa. Con respecto al VIP, a pesar de ser una enfermedad ampliamente distribuida en el mundo, solo se encontraron dos muestras positivas en Durango; sin embargo, el éxito en la detección del antígeno es complicado debido que el virus tiene un período muy corto de excreción y la toma de muestra debe realizarse cuando el cerdo está en período febril⁽¹²⁾.

Los resultados de este trabajo coinciden con estudios previos⁽¹³⁻¹⁴⁾ en donde la detección de este virus se ve afectado también por factores externos como la interacción con otras especies⁽¹⁵⁾. En el caso de Spp se sabe que la bacteria se puede eliminar en heces de forma intermitente por largos periodos, por lo que posiblemente al momento de la captura de los animales, estos no la estaban eliminando. Hay que tomar en cuenta que también se requieren grandes poblaciones para mantener la infección en el ambiente, por lo que existe la posibilidad que en los cerdos ferales la bacteria no esté presente. Los resultados mostraron un comportamiento poco uniforme al detectarse alta frecuencia en los cerdos de Durango, pero baja en Chihuahua, posiblemente debido al tipo de hábitat que influya en la disponibilidad de agua y alimento y éste sea un factor estresante que propicie que el cerdo elimine al patógeno y se tenga un contacto más frecuente con la bacteria, heces y agua⁽¹⁾.

En el caso de PRRS y PED los resultados negativos sugieren que estos agentes son de escasa o nula circulación en los cerdos ferales, lo cual coincide con lo reportado por varios autores^(14,16,17), ya que requieren condiciones epidemiológicas particulares para su difusión dentro de una piara, como sería la sobrepoblación, lo que sucede constantemente en las granjas porcinas tecnificadas; los cerdos ferales son poblaciones de baja densidad, lo que

reduce la posibilidad de contacto con dichos virus por lo que no sería posible la transmisión. Con relación a Mhyo, el no encontrar muestras positivas puede indicar que este agente probablemente no está presente, pero se debe considerar que puede haber infecciones subclínicas detectables solamente con histopatología^(3,18). Hay estudios con datos positivos a Mhyo pero puede ser debida a la geografía, la época de colección y al número de muestras⁽¹⁹⁾. En el caso de App, los resultados muestran la presencia de este agente, lo cual concuerda con otros estudios^(9,14) donde se reporta alta frecuencia hacia esta enfermedad, y si se adiciona que este kit tiene una alta sensibilidad y detecta los 12 serotipos relevantes en cerdos domésticos, se puede inferir que este agente circula en estas poblaciones⁽²⁰⁻²¹⁾.

Este trabajo demostró la presencia de animales positivos hacia varios agentes importantes en la producción porcina comercial y en la salud pública, como ya se había reportado en un estudio previo en Baja California Sur. Es relevante comentar la implicación de lo anterior, debido a que estos animales se movilizan grandes distancias y en piaras en búsqueda de comida y agua, lo que conlleva a su interacción con otras especies silvestres, domésticas y el humano, representando un riesgo al ser reservorio de diversos agentes infecciosos. Aunque Conabio indica la presencia de esta especie en todo México, se desconoce la población total, por lo que sería bueno realizar más investigaciones para conocer exactamente dónde están presentes, estimar que población hay en cada uno de esos lugares para poder implementar programas de control como el que realiza la Michilía, y a la vez realizar estudios con diseños más dirigidos y con un tamaño de muestra mayor para continuar con la detección de los agentes infecciosos presentes en estos animales. Todo lo anterior permitirá conocer una situación más exacta en México, donde la información prácticamente es nula.

Agradecimientos

Candelario Cárdenas Figueroa, técnico operativo de la Reserva de la Biosfera La Michilía. Pedro Roldan Morales, guardaparque de la Reserva de la Biosfera La Michilía, Rogelio Martínez González, vigilante comunitario del Ejido El Alemán Nuevo, Suchil, Dgo., Biol. María Elena Rodarte García, Directora Regional CONANP. A la Dra. Gabriela Gómez Verduzco de la Secretaría de Posgrado e Investigación y al Dr. Roberto Martínez Gamba, ambos de la FMVZ, UNAM.

Financiamiento

Proyecto financiado por USDA bajo el Memorándum de entendimiento entre la Universidad Nacional Autónoma de México y el Servicio de Inspección Sanitaria de Plantas y Animales, del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos de América. Número de Registro 41991-1701-3-VII-15.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no tienen ningún conflicto de interés en este estudio.

Literatura citada:

- 1.- Brown VR, Marlow MC, Gidlewski T, Bowen R, Bosco A. Perspectives on the past, present and futures of feral swine disease surveillance in the United States. *J Anim Sci* 2020;(98):1–3.
- 2.- Lewis JS, Corn JL, Mayer JJ, Jordan TR, Farnsworth ML, Burdett CL *et al.* Historical, current, and potential population size estimates of invasive wild pigs (*Sus scrofa*) in the United States. *Biol Invasions* 2019;(21):2373–2384.
- 3.- Meng XI, Lindsay DS, Srianganathan N. Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. *Biol Sci* 2009;(364):697-707.
- 4.- Smyser TJ, Tabak MA, Sloomaker C, Robeson II MS, Miller RS, Bosse M, *et al.* Rapid expansion of an invasive ungulate driven by bridgehead populations of admixed wild and domestic lineages. *Mol Ecol* 2020;(29):1103–1119.
- 5.- Wyckoff AC, Henke SE, Campbell TA, Hewitt DG, VerCauteren KC. Feral swine contact with domestic swine: a serologic survey and assessment of potential for disease transmission. *J Wildl Dis* 2009;(452):422–429.
- 6.- Franco PC, Chastain D, Taylor P, Stocking S. Boar hunting and brucellosis caused by *Brucella suis*. *Travel Med Infec Dis* 2017;(3):1-5.
- 7.- Pérez CM, Sanvicente M, Arnaud G, Carreón R. Detección de anticuerpos contra patógenos en cerdos (*Sus scrofa*) asilvestrados y domésticos de la Reserva de la Biósfera Sierra la Laguna, México. *Vet Méx* 2017;(4):1-11.
- 8.- Carreón NR, Haro TM, Juárez RM. Reporte histopatológico sugestivo de neumonía enzoótica en cerdos ferales (resumen). Reunión Nacional de Investigación Pecuaria, Nuevo Vallarta, Nay. 2018:502-504.
- 9.- Baroch A, Gagnos A, Lacouture S, Gottschalk M. Exposure of feral swine (*Sus scrofa*) in the United States to selected pathogens. *Can J Vet Res* 2015;(79):74–78.
- 10.- Programa de vigilancia epidemiológica de la fauna silvestre en Andalucía. Informe Programa de vigilancia epidemiológica del jabalí (*Sus scrofa*). Temporadas de caza: desde la temporada 2009-2010 a la 2014-2015.

- 11.-Sok S, Gyu-Nam P, SeEun Ch, Ra-Mi Ch, Song-Yi K, Bang-Hun H, *et al.* Genetic diversity of porcine circovirus isolated from Korean wild boars. *Pathogens* 2020;(9):457.
- 12.-Straw BE, Allaire SD, Mengeling WL, Taylor DJ. *Diseases of swine* 11^a ed. Iowa State Press; 2020.
- 13.-Cleveland CA, DeNicola A, Dubey JP, Hill DE, Berghaus RD, Yabsley MJ. Survey for selected pathogens in wild pigs (*Sus scrofa*) from Guam, Marianna Islands, USA. *Vet Microbiol* 2017;(205):22-25.
- 14.-McGregor GF, Gottschalk M, Godson DL, Wilkins W, Bollinger TK. Disease risks associated with free-ranging wild boar in Saskatchewan. *Can Vet J* 2015;(56):839-844.
- 15.- Pedersen K, Bauer N, Rodgers S, Bazan LR, Mesenbrink BT, Gidlewski T. Antibodies to various zoonotic pathogens detected in feral swine (*Sus scrofa*) at abattoirs in Texas, USA. *J Food Prot* 2017;(80):1239-1242.
- 16.-Stephenson RJ, Tribble BR, Wang Y, Kerrigan MA, Goldstein SM, Rowland RR. Multiplex serology for common viral infections in feral pigs (*Sus scrofa*) in Hawaii between 2007 and 2010. *J Wildl Dis* 2015;(51):239–243.
- 17.- Woods RD, Pirtle EC, Sacks JM, Gibbs EP. Serologic survey for transmissible gastroenteritis virus neutralizing antibodies in selected feral and domestic swine sera in the southern United States. *J Wildl Dis* 1990;(26):420–422.
- 18.-Vicente J, Leon VL, Gortazar C, Cubero J, Gonzalez M, Atance P. Antibodies to selected viral and bacterial pathogens in European wild boars from southcentral Spain. *J Wildl Dis* 2002;(38):649-652.
- 19.- Sibila M, Mentaberre G, Boadella M, *et al.* Serological, pathological and polymerase chain reaction studies on *Mycoplasma hyopneumoniae* infection in the wild boar. *Vet Microbiol* 2010;(144):214–218.
- 20.- Reiner G, Fresen C, Bronnert S, Haack I, Willems H. Prevalence of *Actinobacillus pleuropneumoniae* infection in hunted wild boars (*Sus scrofa*) in Germany. *J Wildl Dis* 2010;(46):551–555.
- 21.- Vengust G, Valencak Z, Bidovec A. A serological survey of selected pathogens in wild boar in Slovenia. *Vet J* 2006;(53):24–27.