



RIDUNAJ
Repositorio Institucional
Digital UNAJ



Publicaciones Científicas

Carpinetti, Bruno Nicolás, Williman, Macarena M., Negrelli Pilar, Melisa, Colina, Santiago E., Ozaeta, Sofia, Nogueiras, Juan P., Echeverría, M. Gabriela, Metz, Germán E. y Serena, M. Soledad

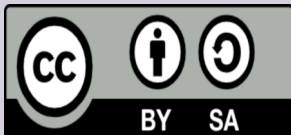
Detección de patógenos emergentes y re-emergentes con incidencia en salud pública en la población de cerdos silvestres de la Bahía Samborombón

*Revista Contribuciones de Ciencia y
Tecnología, Vol. 2 Núm. 1*

2025

Universidad Nacional Arturo Jauretche.

*Secretaría de Investigación y Vinculación
Tecnológica.*



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons.

Atribución – Compartir igual 4.0

<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

Documento descargado de RID - UNAJ Repositorio Institucional Digital de la Universidad Nacional Arturo Jauretche

Cita recomendada:

Carpinetti, B. N., Williman, M. M., Negrelli Pilar, M., Colina, S. E., Ozaeta, S., Nogueiras, J. P., Echeverría, M. G., Metz, G. E. y Serena, M. S. (2025). Detección de patógenos emergentes y re-emergentes con incidencia en salud pública en la población de cerdos silvestres de la Bahía Samborombón. *Contribuciones de Ciencia y Tecnología*, 2(1).

<https://contribucionesencyt.unaj.edu.ar/deteccion-de-patogenos-emergentes-y-re-emergentes-con-incidencia-en-salud-publica-en-la-poblacion-de-cerdos-silvestres-de-la-bahia-samborombon/>

Este documento es resultado del financiamiento otorgado por el Estado Nacional, por lo tanto queda sujeto al cumplimiento de la Ley N° 26.899.

DETECCIÓN DE PATÓGENOS EMERGENTES Y RE-EMERGENTES CON INCIDENCIA EN SALUD PÚBLICA EN LA POBLACIÓN DE CERDOS SILVESTRES DE LA BAHÍA SAMBOROMBÓN¹

THE POPULATION OF WILD PIGS (*SUS SCROFA*) IN SAMBOROMBÓN BAY, PROVINCE OF BUENOS AIRES: RESERVOIR AND POSSIBLE SOURCE OF VIRUS INFECTION?

- *Director: Carpinetti, Bruno Nicolás*
- *Investigadores: Macarena M Williman^{23*}, Melisa Negrelli Pilar^{23*}, Bruno N Carpinetti⁴, Santiago E Colina²⁵, Sofia Ozaeta⁶⁷, Juan P Nogueiras², M Gabriela Echeverría²⁵, Germán E Metz²⁵, M Soledad Serena²⁵.*

RESUMEN

El conocimiento de las enfermedades que circulan en las poblaciones de fauna silvestre son importantes no solo para la conservación y producción ganadera sino también para la salud pública y el bienestar de los ecosistemas integrales. En este artículo realizamos un estudio de diferentes virus de importancia en producción animal y en salud pública, tales como el virus de la pseudorrabia (PRV), circovirus porcino 2 y 3 (PCV2 y PCV3), parvovirus porcino (PPV) y rotavirus A (RVA). Desde abril de 2022 hasta enero de 2023 se realizaron siete muestreos en la Bahía de Samborombón, Provincia de Buenos Aires, donde se capturaron 52 ejemplares de cerdos silvestres adultos. Se obtuvieron muestras de diferentes órganos y materia fecal para la detección por técnicas moleculares y sangre para la obtención de suero y posterior determinación de anticuerpos contra PRV. El porcentaje de positividad obtenido por PCR fue: para PPV (84.61%), PCV3 (67.30%), PCV2 (53.84%), PRV (5.76%) y para RVA de 5.76%. Se detectaron 54.16% de muestras de suero positivas por virus neutralización (N=48), con títulos que oscilaron entre 1/8 y 1/64. Por otro lado, se obtuvieron resultados de coinfección entre

¹ Los resultados de este trabajo fueron publicados en: Williman, M. M., Negrelli Pilar, M., Carpinetti, B. N., Colina, S. E., Ozaeta, S. D., Echeverría, M. G., & Serena, M. S. (2023). Los cerdos silvestres *Sus scrofa* de la Bahía de Samborombón, provincia de Buenos Aires, Argentina: Detección de patógenos virales de importancia en salud pública. *Mastozoología Neotropical*, 31(1):e0994, Mendoza, 2024. Versión on-line ISSN 1666-0536.

² Laboratorio de Virología - Centro de Microbiología Básica y Aplicada (CEMIBA), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV-UNLP). [Autor de correspondencia: germanmetz@conicet.gov.ar]

³ Becaria ANPCyT

⁴ Área Gestión Ambiental/Ecología. Instituto de Ciencias Sociales y Administración. Universidad Nacional Arturo Jauretche

⁵ CONICET-CCT-La Plata

⁶ Cátedra de Producción Porcina, FCV-UNLP

⁷ Becaria UNLP

* Autoría compartida

los diferentes virus analizados de: 30.7%, 28.85% y 9.82% para dos virus, tres virus y cuatro virus respectivamente. No se detectó coinfección simultánea entre los cinco virus analizados. Los resultados obtenidos refuerzan la importancia de la vigilancia de distintos virus en poblaciones de cerdos silvestres en función del concepto de UNA SALUD.

ABSTRACT

Knowledge of diseases circulating in wildlife populations is important not only for livestock conservation and production, but also for public health and the well-being of integrated ecosystems. In this article, we conduct a study of several viruses of importance to animal production and public health, such as pseudorabies virus (PRV), porcine circovirus 2 and 3 (PCV2 and PCV3), porcine parvovirus (PPV) and rotavirus A (RVA). From April 2022 to January 2023, seven samples were collected in Samborombón Bay, Buenos Aires Province, where 52 adult wild boars were captured. Samples of various organs and faeces were collected for detection by molecular techniques, and blood was collected for serum and subsequent determination of antibodies to PRV. The percentage of positivity obtained by PCR was: for PPV (84.61%), PCV3 (67.30%), PCV2 (53.84%), PRV (5.76%) and for RVA of 5.76%. 54.16% of serum samples were positive for neutralising virus (n=48), with titres ranging from 1/8 to 1/64. On the other hand, coinfection results were obtained between the different viruses analysed: 30.7%, 28.85% and 9.82% for two viruses, three viruses and four viruses respectively. No simultaneous coinfection was detected among the five viruses analysed. The results obtained confirm the importance of monitoring different viruses in wild boar populations based on the ONE HEALTH concept.

PALABRAS CLAVES: Argentina - Circovirus - Parvovirus - Pseudorabia- Rotavirus

KEY WORDS: Wild pigs: reservoirs of viral diseases

INTRODUCCIÓN

Las especies exóticas invasoras son aquellas que se desarrollan fuera de su área de su distribución natural, presentan alta tasa reproductiva y se adaptan con facilidad a los nuevos hábitats (Cuevas et al. 2010, 2012; Barrios-García & Ballari, 2012). El cerdo silvestre (*Sus scrofa*) es un mamífero del Orden Artiodactyla, Familia Suidae (Rosell et al. 2001) que forma parte de la lista de especies invasoras de Argentina de alto riesgo e impacto, que requiere un control urgente (Lizarralde 2016). Son considerados reservorio tanto de enfermedades potencialmente transmisibles al cerdo doméstico como de carácter zoonótico, ya sea por contacto directo, a través de sus heces, aerosoles, secreciones o por el consumo de su carne (Al Dahouk et al. 2005; Meng et al. 2009; Carpinetti et al. 2014). Los cambios en el ambiente

tienden a favorecer el contacto entre los animales silvestres, de producción y el hombre, con la consecuente aparición de distintas enfermedades entre las que podemos citar a la brucelosis porcina, leptospirosis, tuberculosis (Ebani et al. 2003; Al Dahouk et al. 2005; Naranjo et al. 2008).

Introducido en América por los colonizadores españoles a fines del siglo XV (Crosby 1986; Navas 1987; Río Moreno 1996), distintos morfotipos de cerdo silvestre, se han naturalizado y sus poblaciones se encuentran en constante crecimiento y expansión, ampliando su presencia en distintas regiones de Argentina (Merino & Carpinetti 2003) como son los esteros del Iberá, el Chaco húmedo, los bosques subantárticos, el monte y el espinal, las planicies de inundación y lagunas costeras de la región pampeana (Ballari et al. 2019). Esta situación se debe, entre diversos factores, a la ausencia de depredadores naturales, la adaptabilidad a una amplia variedad de ambientes, la tolerancia a diferentes condiciones climáticas, una dieta omnívora y la tasa más alta de reproducción entre los unglados (Carpinetti & Merino 2023).

Hoy en día los cerdos silvestres representan un problema en las zonas de mayor producción porcina de nuestro país como Córdoba, Buenos Aires, La Pampa y Entre Ríos. Asimismo, las poblaciones más grandes y antiguas de esta especie se encuentran ocupando la región del estuario del Río de la Plata y la franja costera Atlántica de la Provincia de Buenos Aires, con un núcleo especialmente importante en la Bahía Samborombón (Acosta et al. 2019). Estas poblaciones han pasado por más de 400 años de adaptación ambiental y constituyen un reservorio genético, con vínculo directo con las razas introducidas originalmente.

En los últimos años, Argentina ha registrado un fuerte y sostenido crecimiento de la producción y del consumo de carne porcina. De acuerdo a datos de SIGSA SENASA las existencias porcinas en el año 2021 fueron de 5.350.999 (MAGyP 2021). El estatus sanitario de esta población es diferente al del resto del mundo, dado que nuestro país está internacionalmente reconocido libre de diferentes virosis como peste porcina clásica, peste porcina africana y síndrome reproductivo y respiratorio porcino. Con excepción de la primera, que se controla en jabalíes y pecaríes desde el 2005 (Resolución 308/2004), la vigilancia epidemiológica de agentes llevada a cabo por los organismos oficiales de control, está centrada principalmente en el muestreo en cerdos domésticos, por lo que existe escasa información sobre la presencia y prevalencia de virus emergentes y/o zoonóticos en poblaciones de cerdos silvestres. En los últimos 30 años la producción porcina argentina ha tenido un incremento importante, no solo en cantidad de cerdas o unidades productivas sino también en la cantidad de establecimientos tecnificados. Con el aumento en la cantidad y calidad de los establecimientos de producción porcina en el país y su aparición en otras áreas distintas a las que tradicionalmente ocupaba, se refuerzan las exigencias sanitarias no sólo

para garantizar la mayor productividad e inocuidad posible sino también por el riesgo de contacto con cerdos silvestres y fauna autóctona.

Dentro de los patógenos virales de importancia en la producción porcina se encuentra el virus de la pseudorrabia (PRV), el parvovirus porcino (PPV), el circovirus porcino tipo 2 (PCV2), el circovirus porcino tipo 3 (PCV3) y el rotavirus A (RVA).

La pseudorrabia porcina es causada por el Herpesvirus suino tipo 1, un claro ejemplo de una virosis que afecta tanto a cerdos domésticos como a cerdos silvestres, siendo ambos los hospedadores naturales del virus (Lari et al. 2006; Muller et al. 2011; Verpoest et al. 2016). La infección de los cerdos silvestres con PRV representa una amenaza potencial para los perros de caza (Brizzio et al. 2018) como también a otras especies como felinos, bovinos, ovinos y lagomorfos que se encuentren en contacto con dichos animales, debido a las infecciones latentes que establece el virus. Asimismo, en los últimos años se ha considerado la posibilidad de que el virus sea potencialmente zoonótico al ser detectado en humanos (Yang et al. 2019; Zheng et al. 2022).

El parvovirus porcino es un virus que se transmite fácilmente en poblaciones de cerdos debido a su marcada estabilidad, la gran eliminación de virus por secreciones y excreciones y a la existencia de infecciones subclínicas, tanto en lechones como en animales adultos. Numerosos estudios demostraron que el PPV es el agente predominante de muertes embrionarias y fetales en cerdos domésticos (Mengeling 2006; Csagola et al. 2012). También, se lo relaciona como cofactor de algunas presentaciones de enfermedad asociada a PCV2, en particular a cuadros sistémicos (Allan et al. 1999; Milek et al. 2019). En nuestro país la información que existe en relación a la detección y caracterización de las cepas de PPV en cerdos domésticos ha sido aportada por nuestro grupo de trabajo (Serena et al. 2019a), como también se ha detectado el virus en cerdos silvestres de la Bahía de Samborombón mediante técnicas moleculares, lo que sustenta la necesidad de profundizar este estudio (Serena et al., 2019b).

La caracterización de las cepas circulantes en la población de cerdos salvajes permitirá la identificación en función al tipo y la comparación con las cepas reportadas en cerdos domésticos, con fines de determinar posible origen de infección. Estudios preliminares de nuestro grupo de trabajo, han detectado el virus en cerdos silvestres de la Bahía de Samborombón mediante técnicas moleculares, lo que sustenta la necesidad de profundizar el estudio

El circovirus porcino de tipo 2 muestra una distribución global y se considera uno de los más prevalentes a nivel mundial (Sibila et al. 2021). En Argentina, nuestro grupo de trabajo ha realizado estudios de caracterización molecular en cerdos domésticos, demostrando la circulación de más de un genotipo (Serena et al. 2021).

Por otro lado, el circovirus porcino de tipo 3 de reciente descripción a nivel mundial, se lo relaciona con el síndrome de dermatitis y nefropatía porcina, trastornos reproductivos y sistémicos en cerdos domésticos. Franzo et al. 2019 reporta el primer estudio que demuestra que los cerdos silvestres tienen alta susceptibilidad y prevalencia con ausencia de signos clínicos. Asimismo, otro estudio realizado en Alemania por Prinz et al. 2019 demuestra una alta tasa de prevalencia de PCV3 en cerdos silvestres, como así también una alta tasa de coinfecciones con PCV1 y PCV2 (Serena et al. 2021). En Argentina fue detectado por nuestro grupo de trabajo en cerdos de producción intensiva y en cerdos silvestres (Serena et al. 2019b, 2020).

Muchas actividades humanas se llevan a cabo en cercanías o incluso en el mismo ambiente donde circulan los cerdos silvestres, aumentando así la tasa de contacto entre ellos, haciendo que esta interfaz sea propensa para la circulación de un gran número de virus zoonóticos. Entre ellos, se encuentra el rotavirus A, agente causal de diarreas neonatales en cerdos de maternidad. Varios reportes describen la transmisión interespecie, incluso desde y hacia el hombre (Bányai et al. 2009; Degiuseppe et al. 2013; Dong et al. 2013). Estudios realizados en cerdos silvestres, tanto en Japón como en Europa (Okadera et al. 2013; Moutelíková et al. 2016), detectaron cepas de RVA porcinas relacionadas genéticamente con cepas humanas. Ambos estudios sustentan la idea de que la migración de cerdos silvestres hacia zonas cercanas a los hábitats humanos, hace que aumente exponencialmente la posibilidad de transmisión natural entre cerdos domésticos, el hombre y los cerdos silvestres.

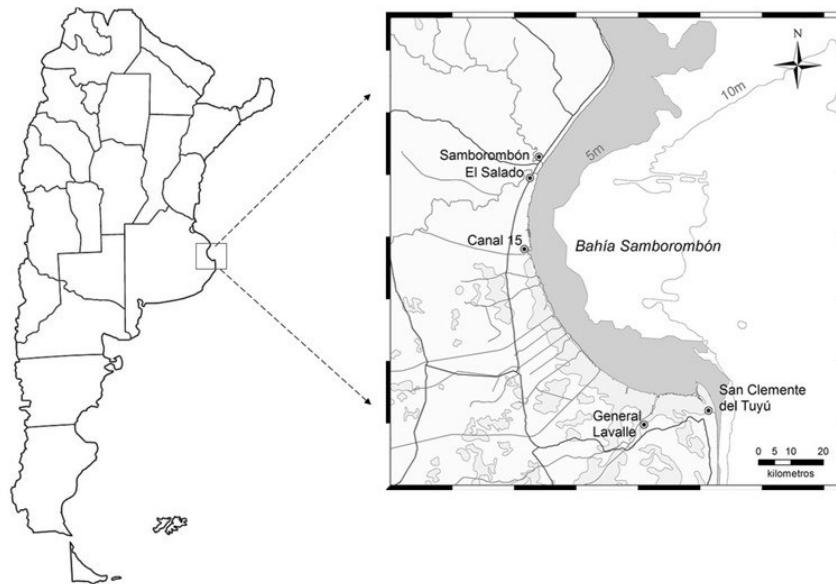
Por lo tanto, el conocimiento de las enfermedades que circulan en las poblaciones de fauna silvestre es importante no solo para la conservación de la fauna autóctona y la producción ganadera, sino también para la salud pública.

MATERIALES Y MÉTODOS

ZONA DE MUESTREO

La reserva natural Bahía de Samborombón (Fig.1) considerado Sitio Ramsar de importancia internacional desde el 24 de enero de 1997, es el humedal mixohalino más extenso de Argentina, localizado en la costa de la provincia de Buenos Aires, en el último tramo del estuario del Río de la Plata y se extiende desde Punta Piedras (35°27'S; 56°45'W) hasta Punta Rasa (36°22'S; 56°35'W). En esta región se enmarca un plan piloto de control de la población de cerdos silvestres en áreas protegidas impulsado por el gobierno provincial, (DI-2021-20276662-GDEBA-DPFAAYRNMDAGP) con el objetivo de preservar la biodiversidad y el ambiente de la región, (<http://www.opds.gba.gov.ar>) <https://normas.gba.gob.ar/arb/disposicion/2019/3/213696>.

Figura 1. Área de muestreo en Bahía Samborombón, provincia de Buenos Aires, Argentina.



OBTENCIÓN Y PROCESAMIENTO DE MUESTRAS

Entre abril de 2022 hasta enero de 2023, en el marco del mencionado proyecto de control, se realizaron siete muestreos donde se capturaron 52 ejemplares de cerdos silvestres adultos. De cada uno de los animales se tomaron muestras de corazón, pulmón, riñón, bazo, hígado, linfonódulo mandibular y materia fecal. Además, se colectó sangre para la obtención posterior de suero. Las muestras fueron identificadas por número de animal y refrigeradas a 4°C en conservadoras hasta su remisión al Laboratorio de Virología del Centro de Microbiología Básica y Aplicada (CEMIBA) de la Facultad de Ciencias Veterinarias - Universidad Nacional de La Plata.

A partir de los diferentes órganos recolectados, fueron cortadas muestras de aproximadamente 1 cm² y lavadas con solución de buffer de fosfato (PBS) estéril a pH 7.0-7.2, suplementado con penicilina (10,000 UI/ml), estreptomicina (10,000 µg/ml) y anfotericina B (20 µg/ml), y posteriormente se homogeneizaron en morteros de porcelana con el agregado de arena estéril y PBS, formando "pooles de órganos" por animal, generando una suspensión al 20% P/V. Luego de su centrifugación a 1500 rpm por 10 minutos, se extrajo el sobrenadante para la extracción de ADN con el kit comercial High Pure PCR Template Preparation Kit, Roche. Por otro lado, las muestras de materia fecal fueron diluidas en PBS Tween 0,5% en proporción 1:4 para realizar la extracción de ARN con Trizol y retrotranscripción con MMLV y random primers para obtener el ADNc.

PCR y RT-PCR

Las técnicas de PCR se realizaron con los primers y las condiciones descriptas según Tabla 1. Para PRV se utilizaron los primers para la detección del gen gD, el gen CAP para PCV2 y PCV3, el gen NSP5 para RVA y el gen NS1 para PPV. Los productos de cada PCR fueron analizados en geles de agarosa al 1,5 % mediante corridas electroforéticas, teñidos posteriormente con bromuro de etidio y observados bajo luz UV.

Tabla 1. Primers y condiciones de las PCR utilizadas

Virus	Tamaño de fragmento	Primers	T° annealing	Cita
PRV	217 pb	gD F- GTGCACGGACGAGCTGGGGCT- gD R- GACGTCCACGCCCGCTTGAAGCT-	60°	Serena et al. 2018
PCV2	465 pb	CAP F-CTTTTTTATCACTTCGTAATG- CAP R-CGCACTTCTTTCGTTTTTC-	50°	Fort et al 2007.
PCV3	264 pb	CAP Fw-TCCAAACTTCTTTCGTGCCGTAG- CAP Rv -GGCTCCAAGACGACCCTTATGC-	62°	Serena et al. 2020
RVA	317 pb	NSP5-P1(F)- GGCTTTTAAAGCGCTACAGTGATGTCTCT- NSP5-P2(R)- GGTCGTGATTGTGTTGATGAATCCATAGA-	60°	Ben et al. 2010
PPV	148 pb	NS1 F'-CTTGGAGCCGTGGAGCGAGC- NS1 R- TGCACAGTTTTACCAAAGCAGGC-	60°	Serena et al . 2019a

DETECCIÓN DE ANTICUERPOS MEDIANTE VIRUS NEUTRALIZACIÓN

La detección de anticuerpos anti-PRV se realizó mediante la técnica de virus neutralización utilizando el método convencional suero variable - virus constante de acuerdo a Martin et al.,1983. Los sueros problema fueron inactivados a 56°C durante 30 min y luego se diluyeron en base logarítmica 2 con medio MEM en una placa de 96 pocillos. Posteriormente se agregaron 100 partículas virales de la cepa TL 92 a cada uno de los pocillos, excepto al control celular y se incubó durante 60 min a 37°C en atmósfera de 5% de CO₂. Pasado ese tiempo de incubación, se agregó la suspensión de células RK13 y se incubó durante 48 hs en las mismas condiciones descriptas hasta su lectura.

RESULTADOS

Del total de individuos capturados se obtuvieron porcentajes de detección variable para cada virus analizado. El porcentaje de muestras positivas obtenido mediante PCR fue de: 84.61% para PPV, 67.30% para PCV3, 53.84% para PCV2, 7.69% para RVA, mientras que para PRV fue de 5.76% (Tabla 2). Por otro lado, el porcentaje de sueros positivos analizados por virus neutralización contra PRV fue de 54.16%, teniendo en cuenta que se analizaron un total de 48 muestras de suero, ya que 4 sueros no arribaron al laboratorio en las condiciones adecuadas. Los títulos obtenidos oscilaron entre 1/8 y 1/64 (Tabla 2).

En el análisis de las coinfecciones entre los virus, se obtuvieron resultados positivos de 30.7% para dos virus, 28.85% para tres virus y 9.82% para cuatro virus. No hubo detección simultánea de los 5 virus en ningún animal (Fig.2). De los 52 animales analizados en forma desagregada, 10 fueron positivos a un solo virus (5 a PCV2, 4 a PCV3 y 1 a PPV), mientras que en 6 animales no hubo detección viral (11.54%). Coinfecciones con dos virus se hallaron en 16 animales (9 para PCV2 y PPV y 7 para PCV2 y PCV3), con tres virus en 15 animales (14 para PCV2, PCV3 y PPV y 1 para PCV2, PCV3 y RVA), mientras que con cuatro virus se encontraron por un lado 2 animales con PRV, PPV, PCV2 y PCV3 y 2 animales con PPV, PCV2, PCV3 y RVA.

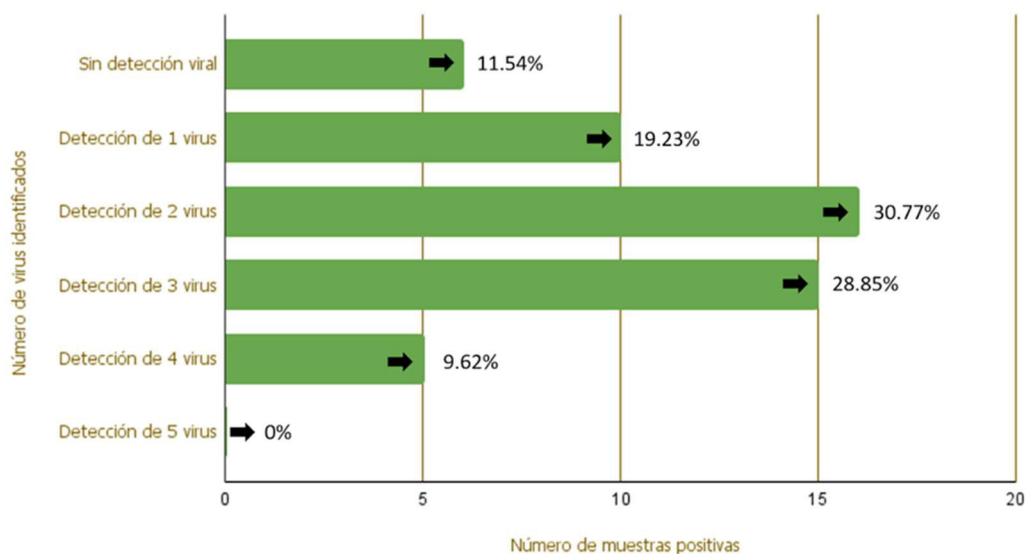
Tabla 2. Determinación de patógenos virales de las 52 muestras de cerdos silvestres capturados.

Virus	MUESTRAS POSITIVAS TOTALES POR PCR	PORCENTAJE	MUESTRAS POSITIVAS TOTALES POR VN/TÍTULO
PPV	44	84.61%	ND
PCV3	35	67.30%	ND
PCV2	28	53.84%	ND
RVA	3	5.76%	ND
PRV	3	5.76%	26 (1/8-1/64)

ND: no determinado

Figura 2. Análisis de coinfección de las 52 muestras de cerdos silvestres

Coinfecciones virales



DISCUSIÓN

Nuestro grupo de investigación trabaja hace más de 10 años en la detección de patógenos en cerdos silvestres en distintos proyectos. En los comienzos, se puso énfasis en PRV por su característica endémica y debido a que la infección produce la muerte de mamíferos domésticos y silvestres (Artuso et al. 2014). Luego, nos centramos en el objetivo de determinar anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos (Carpinetti et al. 2017) para finalmente abocarnos a la búsqueda de virus de importancia en la industria porcina (Serena et al. 2015, 2019b; Williman et al. 2022).

La prevalencia de PCV2 por PCR en las poblaciones de cerdos silvestres es muy variable entre los distintos países. En Alemania por ejemplo, se han obtenido valores de hasta 98% de positivos (Hammer et al., 2012); 74% en Austria (Auer et al. 2022) 75% en Polonia (Fabisak, et al. 2012) y 20.5% en Hungría (Csagola et al. 2006). Estas diferencias pueden atribuirse a variaciones estacionales, a la distribución del virus en la población de animales e incluso por los diferentes tejidos analizados en cada estudio.

Para el caso de PCV3, la prevalencia ha sido menor con respecto a PCV2 en países como Italia y Alemania (Franzo et al. 2018; Prinz et al. 2019). Sin embargo, en nuestro estudio aún siendo acotado, encontramos lo contrario, aunque avalamos la teoría de que el PCV3 es endémico a nivel mundial, a pesar de que sigue siendo muy difícil establecer si este virus afecta la salud de los cerdos silvestres. Es importante resaltar también que ambos virus han sido detectados en rumiantes silvestres como cabras y venados de otros países (Wang et al. 2018; Auer et al. 2022). En la Bahía de Samborombón, junto al cerdo silvestre, habitan otros

animales como el venado de las pampas (*Ozotocerus bezoarticus celer*), especie endémica y que se encuentra en estado crítico de conservación (Perez Carusi 2015). Por lo tanto, su coexistencia podría hacerlo susceptible a la infección viral con estos patógenos prevalentes alterando así su dinámica poblacional.

Para el caso de PRV, se registraron valores bajos de PCR menores al 6% en las muestras analizadas, en contraposición con los altos valores serológicos obtenidos mediante virus neutralización (54.16%). Esta diferencia podría estar asociada al tipo de muestra utilizada en la técnica molecular. En un estudio realizado en esta misma área entre 2013 y 2015, sobre un total de 104 muestras de suero de cerdos silvestres, se registró un 62,5% de positivos por ELISA y 22 positivos por PCR a partir de tonsilas, sin haberse registrado signología clínica en cerdos silvestres, ni brotes en cerdos domésticos (Carpinetti et al. 2017). Por otro lado, en distintas regiones de Turquía se demostró que los porcentajes tanto para detección molecular como para serología de PRV son muy variables, dependiendo del estado sanitario de los cerdos domésticos de la región evaluada (Albayrak 2013).

Otro estudio realizado en la patagonia argentina, en donde la pseudorrabia es una enfermedad endémica, se encontraron casos de PRV en perros de caza alimentados con carne de cerdos silvestres (Brizzio et al. 2018). Resultados similares se obtuvieron en EEUU (Cramer et al. 2011) y en Italia por ingesta de vísceras (Ciarello et al. 2022). Si bien, aún no hay consenso sobre el potencial zoonótico del PRV, se han documentado casos positivos en personas que trabajan en contacto cercano con mascotas y animales de granja, tales como técnicos de laboratorio y veterinarios (Mravak et al. 1987; Anusz et al.1992). Además se han notificado casos de PRV en bovinos y en zorros (Caruso et al. 2014; Cheng et al. 2020; Ciarello et al. 2020), hecho que confirma que este virus afecta a otros individuos. La participación simultánea de varias especies animales, tanto domésticas (ovejas, cabras, perros y gatos) como silvestres (zorros y cerdos) sugiere un gran reservorio de este virus en la naturaleza.

Tanto en Asia como en Europa, se detectaron cepas de RVA porcinas relacionadas genéticamente con cepas humanas (Okadera et al, 2013; Moutelíková et al. 2016; Brnic et al. 2022). Estos estudios sustentan la idea de que la migración de cerdos silvestres hacia zonas cercanas de los hábitats humanos hace que aumente exponencialmente la posibilidad de transmisión natural entre cerdos domésticos, silvestres y el hombre. En nuestro país, se demostró que tanto el cerdo silvestre como el ciervo colorado (*Cervus elaphus*) son portadores de RVA (Chang Reissig et al. 2009), lo que podría implicar que los ungulados exóticos de Argentina representen una amenaza para la fauna autóctona. La notable diversidad genética de los rotavirus indica la necesidad de nuevas investigaciones que involucren la detección y caracterización molecular de este virus en cerdos silvestres de Argentina, donde nunca fue demostrada anteriormente.

Con respecto a la coinfección de cerdos silvestres con dos o más virus, en el estudio que realizamos con anterioridad en la Bahía de Samborombón, se reportó que en 20 de 30 cerdos silvestres existía coinfección entre PRV, PPV, PCV2 y PCV 3 (Serena et al. 2019b). Resultados similares fueron también reportados en Alemania (Prinz et al. 2019) donde, además de demostrar una alta tasa de prevalencia de PCV3 en cerdos silvestres, se detectaron coinfecciones de PCV2 con PCV1. Por otro lado, otros trabajos demostraron la coinfección de PCV2 con PCV3 (Auer et al. 2022). En nuestro país en cerdos de producción porcina, se observaron coinfecciones de PCV3 con PPV (Serena et al. 2020) al igual que lo detectado en este trabajo con cerdos silvestres.

Con la mirada puesta en "UNA SALUD" y viviendo en un mundo donde somos interdependientes, la salud humana está directamente relacionada con la salud animal y con el ecosistema. Esto implica un trabajo colaborativo para hacer frente a los tres aspectos del concepto: salud humana, salud animal y salud ambiental. Teniendo en cuenta que en los últimos años, el 70% de las enfermedades emergentes fueron de origen animal, es de sumo interés realizar una vigilancia sanitaria en las poblaciones de cerdos silvestres, para así poder monitorear las posibilidades de ingreso de patógenos a explotaciones pecuarias, disminuyendo los riesgos para la fauna silvestre y los seres humanos. El conocimiento de la situación sanitaria de dicha población en relación a los virus en estudio aportará información para profundizar en el conocimiento de la epidemiología de las enfermedades y para generar políticas de control a nivel nacional.

CONCLUSIONES

Nuestros resultados remarcan la importancia del monitoreo de distintos virus en poblaciones de cerdos silvestres en función de la salud pública y la producción animal.

PUBLICACIONES COMPLEMENTARIAS

De manera accesoria, durante el periodo de desarrollo del proyecto se realizaron las siguientes publicaciones referentes al mismo objeto de estudio y utilizando muestras y datos parciales obtenidos durante el mismo:

La Sala L.F., Burgos J.M., Caruso N.C., Bagnato C.E., Ballari S., Guadagnin D.L., Kindel A., Etges M., Merino M.L., Marcos A., Skewes O., Schettino D., Perez A.M., Condori E., Tammone A., Carpinetti B., Sergio M. Zalba (2023) Wild pigs and their widespread threat to

biodiversity conservation in South America. *Journal for Nature Conservation* 73 (2023) 126393

Carpinetti B. y Merino M. (2023) Jabalíes y cerdos cimarrones en la Argentina: una guía de manejo para productores rurales. Editorial UNAJ, 53 pp. Colección UNAJ Investiga Serie Informes. ISBN: 978-987-3679-81-0

Serena, M. S., Cappuccio, J., Fossaroli, M., Williman, M. M., Dibarbora, M., Brizzio, R., Metz, G.E., Azpitia C., Perez A., Carpinetti, B. & Echeverría, M. G. (2023). Characterization of new strains of Pseudorabies virus in Argentina: Detection of interspecies transmission. *Open Veterinary Journal*, 13(4), 419.

Farías, L., Améndola H., Carpinetti, B. y Pablo Grilli. (2023) El cerdo cimarrón (*Sus scrofa*) en el entorno urbano de Punta Indio y la necesidad de su manejo En: Athor, J. y D. A. Albareda. (Eds.). 2023. Parque Costero del Sur. Nuevos temas sobre naturaleza, conservación y patrimonio cultural. Fundación de Historia Natural Félix de Azara. Buenos Aires.

Acosta, D. B., Figueroa, C. E., Fernández, G. P., Mac Allister, M. E., Carpinetti, B. N., Perez-Gianmarco, L., & Merino, M. L. (2023). Evidence of hybridization between wild boars and feral pigs (*Sus scrofa*) from Argentina: implications for the success of the invasion process. *Biological Invasions*, 1-14.

Van Hees, H., Ballari, S., Dieste-Pérez, L., Carpinetti, B. y Geert P. Janssen. (2022). Diet and stomach characteristics of feral piglets (*Sus scrofa*): Implications for farmed piglets. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*

Figueroa, C., Acosta, D., Mac Allister, M., Merele, M., Fernández, G., Carpinetti, B., Winter, M., Abate, S., Barandiaran, S. y Mariano Merino. (2022). Patterns of genetic variation on wild pig (*Sus scrofa*) populations over a complete range of the species in Argentina. *Mammalia*. Vol.86 no.4 pp. 359-372

Marcos, A., Carpinetti, B., Ferro, N., Aronowicz, T., & Dassa, L. 2021. Percepción del impacto de cerdos cimarrones (jabalíes) sobre la producción agropecuaria de Argentina. *Revista Veterinaria*, 31(2), 131-136.

Acosta, D.; Español, L.; Figueroa, C.; Marini, S.; Mac Allister, M.; Carpinetti, B.; Fernández, G.; Merino, M. 2020. Wild pigs (*Sus scrofa*) population as reservoirs for deleterious mutations in the RYR1 gene associated with Porcine Stress Syndrome. *Veterinary and Animal Science*. 100160

Origlia, J.; Serena, M.S.; Amendola, H.; y B. Carpinetti. 2020. Sanitary surveillance of wild pigs (*Sus scrofa*) in the Samborombón Bay Natural Reserve, Buenos Aires, Argentina. Wildlife Diseases Association, Latin America Section Newsletter. Nro.8th. April 2020.

PRESENTACIONES A CONGRESOS Y REUNIONES CIENTIFICAS

Helman E, Williman M, Steffen KD, Musumeci C, Negrelli MP, Carpinetti B, Serena MS, Metz GE, Echeverría M. El rol de los cerdos silvestres como reservorio de *Sarcocystis* spp. en la Bahía de Samborombón. Primeras jornadas interdisciplinarias de UNA SALUD, FCV-UBA desde el 25 al 27 de octubre del 2023

Williman M M, Martin P, Serena MS, Vidal DA, Ozaeta S , Negrelli MP, Carpinetti B , Metz GE, Echeverría MG. El cerdo silvestre: ¿El potencial nexo entre enfermedades zoonóticas?. Primeras jornadas interdisciplinarias de UNA SALUD, FCV-UBA desde el 25 al 27 de octubre del 2023.

Carpinetti, B y Aleksa A. Invasiones biológicas y enfermedades emergentes y reemergentes. Lecciones aprendidas del proyecto de vigilancia epidemiológica en cerdos silvestres y jabalíes (*Sus scrofa*). 3ras. Jornadas de Investigación UNAJ: investigaciones interdisciplinarias en el territorio en el actual contexto. UNAJ, Florencio Varela, 3 y 4 de noviembre 2022

Williman, M., Negrelli, P., Carpinetti, B., Colina, S., Cappuccio, J., Nogueiras J., Metz, G., Echeverría, MG; Serena, M.S. DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE PCV2 EN CERDOS SALVAJES DE LA BAHÍA DE SAMBOROMBÓN. XXI Jornadas de Actualización Porcina, 3 y 4 de noviembre de 2022 Río Cuarto, Argentina

Carpinetti, B., Rascioppe, E., Vannoni, A., Marcos, A. Primer reporte de circulación del virus de la Estomatitis Vesicular (EV) en Cerdos Silvestres (*Sus scrofa*) de Argentina. XXXIII Jornadas Argentinas de Mastozoología, 7 al 11 de noviembre de 2022 Puerto Iguazú, provincia de Misiones, Argentina

Acosta, D.B., Figueroa, C.E., Mac Allister, M.E., Fernández, G.P., Carpinetti, B.N., Merino, M.L. Caracterización genética y estructura genético poblacional en cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la costa bonaerense, Argentina. XXXIII Jornadas Argentinas de Mastozoología, 7 al 11 de noviembre de 2022 Puerto Iguazú, provincia de Misiones, Argentina

Acosta, D.B., Figueroa, C.E., Mac Allister, M.E., Fernández, G.P., Carpinetti, B. N., Merino, M.L. Patrones de hibridación entre morfotipos silvestres de la especie *Sus scrofa* en la costa

bonaerense argentina. XXXIII Jornadas Argentinas de Mastozoología, 7 al 11 de noviembre de 2022 Puerto Iguazú, provincia de Misiones, Argentina