



Actinobacillus pleuroneumoniae: serotipos circulantes en Argentina.

F. A. Bessone¹, G C. Zielinski¹, M. Ducommun¹, H. Piscitelli¹, J Sarradell², N Pereyra³, S Samus⁴
 1 Grupo. de Sanidad Animal y Biotecnología, E.E.A. INTA Marcos Juárez. Ruta 12 Km. 3. 2 Facultad de Cs Veterinarias, U.N.R. 3 I. Porcinotecnia de Chañar adLeado, Min. de la producción, prov. Santa Fe. 4 Lab. LADIPREVET4
 fbessone@mjuarez.inta.gov.ar

Introducción

La pleuroneumonía porcina es una enfermedad de distribución mundial, caracterizada por provocar alta mortalidad, reducción de la producción y aumento en los costos de producción de los establecimientos afectados. Clínicamente se caracteriza por producir un cuadro neumónico severo asociado a pleuritis fibrinosa que ante una primo-infección puede afectar todas las categorías del establecimiento.

Esta enfermedad es producida por *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App), bacteria gram negativa, NAD dependiente (biotipo 1), subdividida en 13 serotipos de acuerdo a sus antígenos de superficie (LPS y polisacáridos de membrana), muchos de los cuales no reaccionan inmunológicamente en forma cruzada, siendo por tanto importante identificar el serotipo de las cepas circulantes en las granjas.

El objetivo de este estudio fue tipificar aislados de App, a fin de obtener información que permita mejorar las estrategias de control y prevención en la República Argentina.

Materiales y Métodos

Se utilizó una colección de 133 aislados de *Actinobacillus pleuropneumoniae* provenientes de granjas porcinas, de distintas zonas del país, durante el periodo 1995-2011, identificadas a través de pruebas bioquímicas convencionales. Se las sembró en caldo B.H.I.NAD incubándoselas a 37 °C durante 24 hs en aerobiosis.

Luego se obtuvo el ADN bacteriano a través del Kit comercial Fermentas. Para la tipificación de las cepas se utilizaron las secuencias de los genes *omIA*, *apx* (1), *apxIB*, *tbp*, *wzz* y *hp2* (2), partiendo de cultivos puros del microorganismo, utilizándose un PCR multiplex.

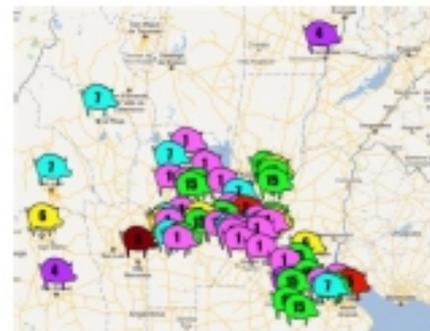


Figura 1. Distribución espacial de serotipos predominantes en Argentina.

Discusión

En el presente estudio predominó el serotipo 1 con un 45,04% del total, coincide (en el sentido de ser el más prevalente) con anteriores trabajos, pero con un menor % relativo de aislamientos (3). También se halló el serotipo 15 con el 29,01%, siendo el segundo serotipo más prevalente. Se debe tener en cuenta que en trabajos anteriores (4) con igual prevalencia se encontraba el grupo de serotipos 3/6, pero la técnica utilizada entonces no contemplaba al serotipo 15. Al compartir antígenos de capsula y LPS, se podría pensar que esos aislados podrían corresponder al serotipo 15. Con menor proporción los serotipos 7 y 6 mostraron un 12,21% y 9,16% respectivamente. El serotipo 6, en trabajos anteriores, (4) no se diferenciaba del grupo 3/6. A diferencia de otra publicación (4) se hallaron los serotipos 4 y 5 en bajas proporciones con 2,29% y 1,53% respectivamente, siendo el serotipo 4 hallado por primera vez en la Argentina. Solo un solo aislamiento fue tipificado como serotipo 3. No hubo hallazgos en esta colección de los demás serotipos (2, 8, 10, 12), aunque existen antecedentes sobre la existencia del 8 y 12. Este estudio, que podría aproximarse a la prevalencia real de los serotipos que existen actualmente en nuestro territorio, podría contribuir a mejorar la prevención de la enfermedad a través de la reformulación de los inmunógenos actualmente existentes en el mercado.

Referencias

1. Gram y cols. (2000) Vet. Microbiol. 75, 43-57.
2. Xie y cols. (2010) FEMS Mic. Letters 303, 147-155.
3. Zbrun y cols. (2008) IX Congreso Prod. Porcina, San Luis, pp 198.
4. Bessone y cols. (2010) X Congreso Prod. Porcina, Mendoza, pp 283.

Resultados		
Serotipos	Frecuencia (n aislados)	%
1	59	45,04
3	1	0,76
4	3	2,29
5	2	1,53
6	12	9,16
7	16	12,21
15	38	29,01

Tabla 1. Frecuencia de serotipos en Argentina.