

**DETERMINACIÓN DE SEROTIPOS DE *ACTINOBACILLUS PLEUROPNEUMONIAE* PREDOMINANTES EN ARGENTINA**F. Bessone<sup>1</sup>, G. Zielinski<sup>1</sup>, M. Ducommun<sup>1</sup>, J. Sarradell<sup>2</sup>, F. Cane<sup>3</sup>, N. Pereyra<sup>3</sup>Área Producción Animal, Lab. de Sanidad Animal y Biotecnología, E.E.A. INTA Marcos Juárez. Ruta 12 Km. 3<sup>1</sup>. Facultad de Ciencias Veterinaria, U.N.R.<sup>2</sup>. Instituto de Porcinotecnia de Chañar Ladeado, Min. de la producción, prov. Santa Fe<sup>3</sup>. fbessone@mjuarez.inta.gov.ar**INTRODUCCIÓN**

La pleuroneumonía porcina es una enfermedad difundida en todo el mundo y 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.

**OBJETIVO**

Tipificar cepas de *Actinobacillus pleuropneumoniae* mediante la amplificación por PCR de los genes *omIA* y *apx* (1), para mejorar las estrategias de control y prevención en la República Argentina.

**MATERIALES Y MÉTODOS**

Se utilizaron 48 cepas de *Actinobacillus pleuropneumoniae* provenientes de granjas porcinas, de distintas zonas del país, identificadas a través de pruebas bioquímicas convencionales. Se las sembró en caldo B.H.I. (suplementado con NAD) realizándose la incubación 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 genes *omIA* y *apx*, partiendo de cultivos puros del microorganismo.

**Resultados**

Serotipos	Casos	%
1/9/11	26	54
2/8	0	0
3/6	15	31
4	0	0
5	0	0
7	7	15
10	0	0
12	0	0
<b>Total</b>	<b>48</b>	<b>100</b>

Tabla 1. Cantidad de casos por serotipos en Argentina.



Figura 1. Distribución espacial de serotipos predominantes en Argentina.

**DISCUSIÓN**

En este trabajo, predominó el serotipo 1/9/11 con un 54%, hallazgo que en general coincide con el efectuado en un estudio similar anterior, pero con un menor número de aislamientos (2).

También se realizaron hallazgos de los serotipos 3/6, en menor proporción que los anteriores, pero con un porcentaje importante: el 31% de los aislamientos pertenecieron a estos serotipos. Existen antecedentes de estos hallazgos en Argentina (3). Con menor proporción el serotipo 7 mostro un 15% de prevalencia, que como en los anteriores, se describe en la bibliografía (4).

No hubo hallazgos en esta colección de los demás serotipos (2, 4, 5, 8, 10, 12), aunque existen antecedentes sobre la existencia de los serotipos 5, 8, 12 y 15 en el país.

En este estudio fueron tomadas cepas de distintos lugares del país correspondientes a zonas de mayor producción porcina, como se observa en la figura 1.

En un futuro se ampliará el número de muestras para la tipificación de cepas, y así se obtendrá una prevalencia más real de cada serotipo actuante en la República Argentina.

**BIBLIOGRAFIA**

- 1.T. Gram, P. Ahrens, M. Andreasen, (2000). Vet. Microbiol. 75, 43-57.
2. Zbrun, Zielinski y cols, (2008) IX Congreso Prod. Porcina, San Luis, pp 198
3. Di Cola y Zielinski, (2004) no publicado.
4. Moredo F., (1999), Congreso Chileno de Microbiología. Valdivia, Chile, pp12, 1999.