

Estudio de prevalencia de casos de *Actinobacillus pleuropneumoniae* y de los serotipos implicados

M. Jiménez¹,
R. Menjón¹,
M. Marcos¹, J. Bollo¹
y M. Gottschalk²

¹MSD Animal Health
España

²Universidad de
Montreal (Canadá)
Imágenes cedidas por
los autores

La pleuroneumonía porcina es una patología mundialmente extendida, con un impacto económico elevado en las explotaciones en las que se encuentra presente. Su agente etiológico es *Actinobacillus pleuropneumoniae* (App), del cual hasta la fecha se conocen 18 serotipos, dos de ellos (17 y 18) de reciente descripción (1). La prevalencia de cada uno de los serotipos puede diferir entre países, y también el grado de patogenicidad de los mismos, de modo que, aunque en general existen serotipos que pueden considerarse como poco patógenos, y otros que pueden inducir clínica severa, en ocasiones la virulencia de algunos serotipos puede variar entre diferentes zonas geográficas. La distribución de los serotipos también puede variar entre países.

INCIDENCIA EN ESPAÑA: DISTRIBUCIÓN TEMPORAL

En España se han descrito prácticamente todos los serotipos de App, y los estudios más recientes han descrito los serotipos 13, 4, 2 y 9/11 como los más prevalentes (2). No obstante, la información de la

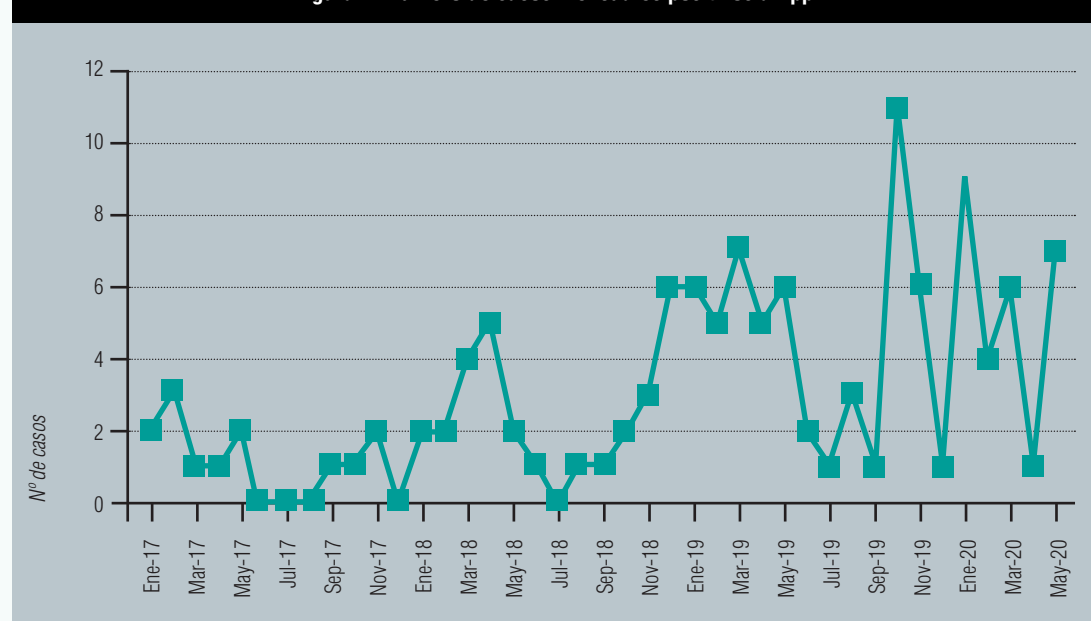
que se dispone con respecto a los serotipos y su distribución es bastante escasa, pues hay pocas publicaciones, con un número limitado de muestras analizadas, y en ocasiones vinculadas a una zona geográfica concreta, pudiendo dar una información parcial.

Por este motivo, y con el objetivo de ampliar la información existente sobre la prevalencia de la enfermedad y los serotipos involucrados, desde MSD Animal Health se ha realizado un estudio retrospectivo sobre los casos de pleuroneumonía porcina que han llegado a través del Servicio de Diagnóstico de Porcino a ciertos laboratorios en los cuales se ofrece dicho servicio.

Se han analizado los casos de App diagnosticados en 5 laboratorios, tres de ellos ubicados en Cataluña, uno en Aragón y otro en Castilla y León, desde el año 2017 y hasta mayo de 2020. Se han incluido en el estudio los casos en los cuales se ha obtenido positividad a App, ya sea por aislamiento bacteriano, por PCR o por ambas técnicas.

En total se han diagnosticado 123 casos de App, 13 de ellos en 2017, 29 en 2018, 54 en 2019 y

Figura 1. Número de casos mensuales positivos a App.



27 hasta mayo del 2020. En la *figura 1* puede observarse la distribución temporal de los mismos.

Es interesante destacar que, aunque sí parece apreciarse cierta estacionalidad, siendo más frecuentes los casos en otoño e invierno, se diagnostican casos en prácticamente todos los meses del año. Estos datos sin embargo pueden no ser representativos de la realidad y pueden subestimar la problemática, pues cabe destacar que, por las características propias de la enfermedad, muchos de los diagnósticos se realizan mediante necropsias en la propia explotación, sin requerir de diagnóstico laboratorio, lo cual podría limitar la accesibilidad a datos laboratoriales.

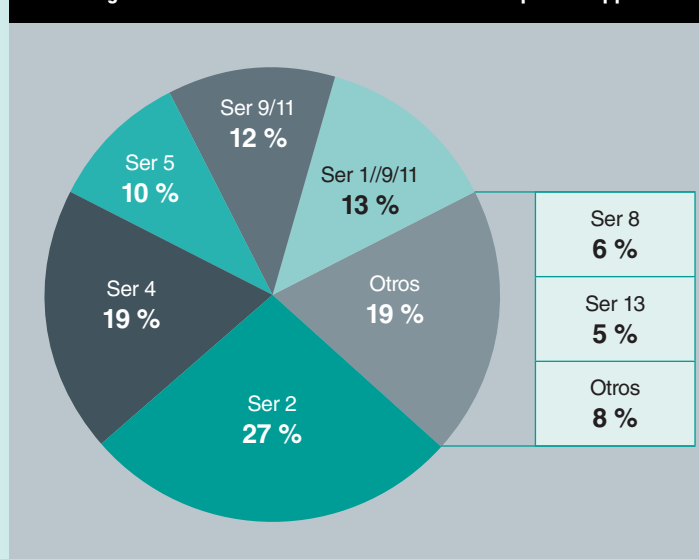
DISTRIBUCIÓN Y TIPIFICACIÓN DE LOS SEROTIPOS

De los 121 casos diagnosticados, se ha tipificado el serotipo de App implicado en 78 de ellos. La tipificación se ha realizado mayoritariamente mediante PCR específica de serotipo, aunque en uno de los laboratorios esta técnica se empezó a usar a partir de 2018 y en otro de ellos a partir de 2019, por lo que los aislados previos se analizaron a través del uso de antisueros. Esta técnica es menos precisa, pues se pueden detectar reacciones serológicas inespecíficas entre algunos grupos de serotipos (1/9/11; 3/6/8).

La frecuencia de tipificación de los casos positivos también ha ido aumentando anualmente, de manera que en 2017 se tipificaron el 38,5 % de los casos, en 2018 el 65,5 %, en 2019 el 64,8 % y en 2020 el 70,4 %. En la *figura 2* puede observarse la distribución de los serotipos más prevalentes. Cabe destacar que los únicos serotipos que no se han encontrado son el 1, 6, 12, 14, 15, 16 y 18, aunque cabe remarcar que los serotipos 14 y 16 fueron descritos solamente en Hungría. Es importante resaltar además que los serotipos 17 y 18 son de reciente aparición, por lo que se han analizado en muy pocas muestras. En dos casos clínicos se detectaron diferentes serotipos en la misma granja (1/9/11 y 5 en un caso, y 2 y 8 en otro caso).

Según los datos obtenidos en este estudio, los serotipos más prevalentes son el 2, 4 y el 9/11 (o serogrupo 1/9/11). Estos datos son coincidentes parcialmente con algunas publicaciones previas (2) que destacan los serotipos 2 y 4 como altamente prevalentes (22 % y 26 % respectivamente). En cambio, hay diferencias significativas con respecto al serotipo 13, presentado previamente como el más prevalente (28 %), mientras que en este estudio está solo presente en un 5 % de los casos. También cabe destacar que serotipos como el 3 o el 10, de los cuales no se habían reportado casos previamente, han sido detectados en un caso clínico cada uno ellos durante el año 2019. Estos serotipos son muy raramente aislados de casos clínicos en otros países.

Figura 2. Prevalencia de los diferentes serotipos de App.



Estas diferencias observadas en cuanto a la prevalencia de los distintos serotipos pueden ser originadas por diversas razones, pero muy probablemente pueden deberse a la diferente distribución geográfica de los casos estudiados, o incluso al efecto que algunas pirámides productivas con origen común puedan tener sobre la mayor prevalencia de algunos serotipos.

Es importante remarcar que el serotipo 1 está prácticamente ausente en la mayoría de los países europeos, por lo que es muy posible que las cepas identificadas con anticuerpos como serotipos 1/9/11 pertenezcan al grupo 9/11. Cabe aclarar que actualmente, los serotipos 9 y 11 no se pueden diferenciar con las técnicas de PCR disponibles en la mayoría de los laboratorios. Teniendo en cuenta esto, el grupo 9/11 debería considerarse como uno de los más prevalentes en este estudio. De hecho, cepas de serotipo 9/11 son consideradas como altamente virulentas ya que producen las toxinas ApxI y ApxII.

Es interesante también el porcentaje relativamente elevado de cepas detectadas pertenecientes al serotipo 5, ya que es un serotipo que históricamente ha sido reportado en América del Norte. De hecho, casi el 50 % de las cepas aisladas de animales enfermos en Canadá pertenecen a este serotipo (3). Cepas de serotipo 5 son consideradas también como altamente virulentas por la misma razón que aquellas del grupo 9/11. El serotipo 2 es también uno de los más comúnmente aislados en Europa, y el serotipo 4 continúa siendo un problema en España. Es muy interesante ver que este serotipo no se asocia comúnmente a casos clínicos en ningún otro país. El serotipo 8, detectado en este estudio, es prevalente en granjas del Reino Unido. De hecho, en esa zona geográfica, es el serotipo más comúnmente

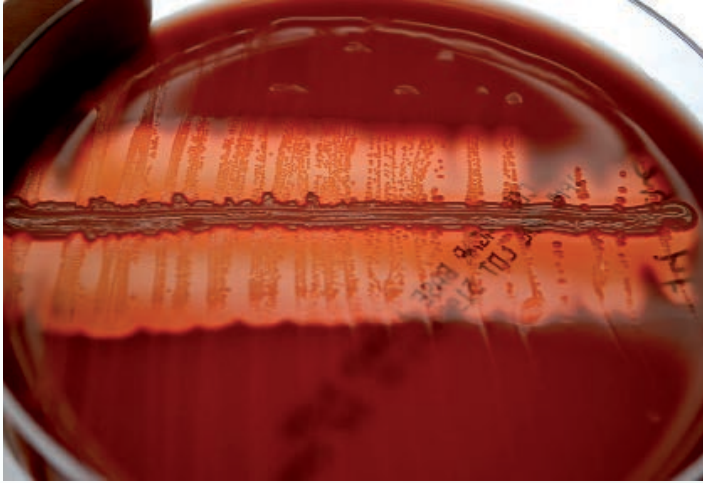


Figura 3. App biotipo I.

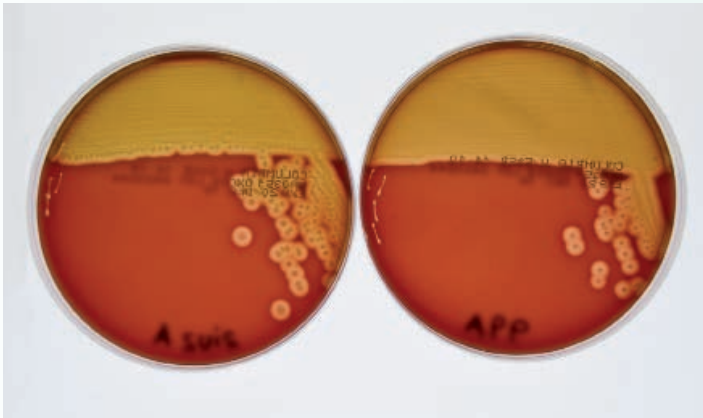


Figura 4. App biotipo II.

aislado de animales enfermos. Casos clínicos de pleuroneumonía causados por este serotipo han sido también observados en Estados Unidos.

Las cepas de serotipo 13 son normalmente “atípicas”, ya que son biotipo II, y crecen en los medios de cultivos sin necesidad de factores de crecimiento como es el caso de la mayoría de las cepas de App clásicas.

Finalmente, resaltar que uno de los serotipos recientemente descritos, el serotipo 17, está presente en España. En este estudio solo se detectó en un caso, pero es muy posible que varias de las cepas que se clasificaron en su momento como no tipificables pertenecieran a este serotipo. Estos datos estarán seguramente disponibles en un futuro ya que las técnicas de PCR para identificar los serotipos 17 y 18 ya están disponibles. Es importante mencionar que tanto el serotipo 17 como el serotipo 18 fueron ambos descritos en Dinamarca, por lo que es muy probable que ya estén presentes en otros países europeos. El serotipo 17 también se ha descrito en América del Norte.

Conocer la distribución de los serotipos en cada país es muy importante, ya que también facilita el seguimiento epidemiológico vía la utilización de la serología. Es importante indicar qué serotipos se convierten en “serogrupos” y se detectan juntos al utilizar la serología basada en el LPS como antígeno: serogrupo 1, 9 y 11; serogrupo 4 y 7 y serogrupo 3, 6, 8 y 15. Por otro lado, los serotipos 2, 5, 10, 12 y 13 no presentan mayores reacciones cruzadas. La serología para los serotipos 17 y 18 está actualmente siendo estudiada.

CONCLUSIONES

Es importante destacar que los datos presentados no obedecen a un estudio de prevalencia protocolizado previamente, sino que corresponden a un estudio retrospectivo de casos, por lo que sus resultados pueden presentar cierto sesgo, con las limitaciones que ello conlleva. Aun así, la información que arroja es de gran interés para poder analizar factores tales como el posible aumento de casos temporal, su posible estacionalidad, el posible viraje de prevalencia de algunos serotipos, o incluso la aparición de nuevos serotipos no detectados previamente. De todos modos, es necesario continuar realizando más estudios en este campo para ampliar la información disponible, y por tanto dar respuestas sólidas a algunas de estas preguntas, que nos permitan avanzar eficazmente en el control de la enfermedad.

REFERENCIAS

1. Bossé JT, Li Y, Sárközi R, *et al.* Proposal of serovars 17 and 18 of *Actinobacillus pleuropneumoniae* based on serological and genotypic analysis. *Vet Microbiol.* 2018;217:1-6.
2. Arnal *et al.* *Actinobacillus pleuropneumoniae*: diversidad epidemiológica en España. *Suis* nº 166, Abril 2020.

3. Gottschalk M, Lacouture S. Canada: Distribution of *Streptococcus suis* (from 2012 to 2014) and *Actinobacillus pleuropneumoniae* (from 2011 to 2014) serotypes isolated from diseased pigs. *Can Vet J.* 2015;56(10):1093-1094.

