

Sección Especial



LOS MAMÍFEROS COMO HOSPEDADORES DE PARÁSITOS

Editores de Sección: Cavia, R., Gómez Villafaña, I. E. y Sánchez, J. P.

Artículo

LOS CERDOS SILVESTRES *Sus scrofa* DE LA BAHÍA DE SAMBOROMBÓN, PROVINCIA DE BUENOS AIRES, ARGENTINA. DETECCIÓN DE PATÓGENOS VIRALES DE IMPORTANCIA EN SALUD PÚBLICA

Macarena M. Williman^{1*}, Melisa Negrelli Pilar^{2*}, Bruno N. Carpinetti³, Santiago E. Colina^{1,4}, Sofía D. Ozaeta⁵, M. Gabriela Echeverría^{1,4}, Germán E. Metz^{1,4} & M. Soledad Serena^{1,4}

¹Laboratorio de Virología, Centro de Microbiología Básica y Aplicada (CEMIBA), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV-UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina. [Correspondencia: Germán E. Metz <germanmetz@conicet.gov.ar>]. ²Laboratorio de Patología (LAPEVET), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV-UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina. ³Área de Gestión Ambiental/Ecología. Instituto de Ciencias Sociales y Administración, Universidad Nacional Arturo Jauretche, Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina. ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro Científico Tecnológico (CCT), La Plata, Buenos Aires, Argentina. ⁵Cátedra de Producción Porcina, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (FCV-UNLP), La Plata, Buenos Aires, Argentina. *Autoría compartida

RESUMEN. El conocimiento de las enfermedades que circulan en las poblaciones de fauna silvestre es importante para la conservación y el bienestar de los ecosistemas integrales, y también para la producción ganadera y la salud pública. En este artículo caracterizamos la situación sanitaria de la población de cerdos silvestres de vida libre de la Bahía de Samborombón, provincia de Buenos Aires, mediante el relevamiento de virus de importancia para la producción animal y salud pública, como el virus de la pseudorrabia (PRV), los circovirus porcino tipos 2 y 3 (PCV2 y PCV3), parvovirus porcino (PPV) y rotavirus A (RVA). Se realizaron siete muestras entre abril de 2022 y enero de 2023, 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, y la obtención de suero y posterior determinación de anticuerpos contra PRV. El porcentaje de positividad obtenido mediante PCR fue: 84.61 % para PPV; 67.30 % para PCV3; 53.84 % para PCV2; 5.76 % para PRV y 5.76 % para RVA. 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 los diferentes virus analizados de: 30.7 %, 28.85 % y 9.82 % para dos, tres 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. THE WILD BOAR *Sus scrofa* OF THE BAHIA THE SAMBOROMBON, PROVINCE OF BUENOS AIRES, ARGENTINA. DETECTION OF VIRAL PATHOGENS OF IMPORTANCE IN PUBLIC HEALTH. 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 characterized the health situation of the population of free-living wild pigs in the Bahía de Samborombón, province of Buenos Aires, by surveying viruses of importance in animal production and public health, such as pseudorabies (PRV), porcine circovirus types 2 and 3 (PCV2 and PCV3), porcine parvovirus (PPV), and rotavirus A (RVA). Seven samplings were carried out between April 2022 and January 2023, during which 52 adult wild pigs were captured. Samples of several 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: 84.61 % for PPV; 67.30 % for PCV3; 53.84 % for PCV2; 5.76 % for PRV, and 5.76 % for RVA. 54.16 % of the 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 analyzed. The results obtained confirm the importance of monitoring different viruses in wild boar populations based on the one health concept.

Palabras clave: Argentina, Circovirus, Parvovirus, Pseudorabia, *Sus scrofa*.

Key words: Argentina, Circovirus, Parvovirus, Pseudorabia, *Sus scrofa*.

Citar como: Williman, M. M., M. Negrelli Pilar, B. N. Carpinetti, S. E. Colina, S. D. Ozaeta, M. G. Echeverría, G. E. Metz & M. S. Serena. 2024. 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. <https://doi.org/10.31687/saremMN.24.31.01.19.e0994>

INTRODUCCIÓN

Las especies exóticas invasoras son aquellas que se desarrollan fuera de su área de distribución natural, presentan alta tasa reproductiva y se adaptan con facilidad a los nuevos hábitats (Cuevas et al. 2010; Cuevas 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 y requiere un control urgente (Lizarralde 2016). Es considerado reservorio tanto de enfermedades potencialmente transmisibles al cerdo doméstico y fauna silvestre como de carácter zoonótico, ya sea por contacto directo a través de sus heces, aerosoles, secreciones o por el consumo de su carne cruda o mal cocida (Al Dahouk et al. 2005; Meng et al. 2009; Carpinetti 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 se pueden citar la viruela del mono, brucelosis porcina, leptospirosis, tuberculosis y triquinelosis (Murphy & Ly 2022; Ebani et al. 2003; Al Dahouk et al. 2005; Naranjo et al. 2008; Ribicich et al. 2020).

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, lo que ha ampliado su presencia en distintas regiones de Argentina (Merino & Carpinetti 2003), como 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 ungulados (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 ocupan 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 de 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 el consumo de carne porcina. Según datos del Sistema Integrado de Gestión de Sanidad Animal (SIGSA) del SENASA, las existencias porcinas en 2022 fueron de 5 477 107 individuos (https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/110_1-caracterizacion_porcinos_marzo_2022.pdf). El estado sanitario de esta población es diferente al del resto del mundo, dado que nuestro país está internacionalmente reconocido libre de diferentes virosis, como la peste porcina clásica, la peste porcina africana y el síndrome reproductivo y respiratorio porcino. Con excepción de la primera, que se controla en jabalíes y pecarías desde 2005 (Resolución 308/2004), la vigilancia epidemiológica de agentes llevada a cabo por los organismos oficiales de control está centrada principalmente en el muestreo de cerdos domésticos (https://www.argentina.gob.ar/sites/default/files/informe_muestreo_porcino_2020.pdf), por lo que existe escasa información sobre la presencia y prevalencia de virus emergentes o zoonóticos en poblaciones de cerdos silvestres (Artuso et al. 2014; Carpinetti et al. 2017; De Maio et al. 2023). Con el aumento, tanto en cantidad como en calidad, de establecimientos de producción porcina en el país y su aparición en otras áreas distintas de las que tradicionalmente ocupaba, se refuerzan las exigencias sanitarias no solo 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, una virosis que afecta tanto a cerdos domésticos como silvestres, y ambos son los hospedadores naturales del virus (Lari et al. 2006; Müller 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) y también para otras especies, como felinos, bovinos, ovinos y lagomorfos, que se encuentren en contacto con esos 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, a 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 han demostrado que el PPV es el agente predominante de muertes embrionarias y fetales en cerdos domésticos (Mengeling 2006; Csaigola et al. 2006). A su vez, 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 con la detección y caracterización de las cepas de PPV en cerdos domésticos ha sido aportada por 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 silvestres permitirá la identificación en función del tipo y la comparación con las cepas informadas en cerdos domésticos, con fines de determinar el posible origen de infección.

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 se han realizado estudios de caracterización molecular en cerdos domésticos y silvestres que han demostrado la circulación de más de un genotipo (Serena et al. 2021; Williman et al. 2022).

Por otro lado, el circovirus porcino tipo 3, de reciente descripción a nivel mundial, se relaciona con el síndrome de dermatitis y nefropatía porcina, trastornos reproductivos y sistémicos en cerdos domésticos. Franzo et al. (2019) informaron 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) demostró una alta tasa de prevalencia del PCV3 en cerdos silvestres, así como también una alta tasa de coinfección con PCV1 y PCV2. En Argentina, el PCV3 se detectó recientemente 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, lo cual aumenta la tasa de contacto entre ellos y hace que esta interfaz sea propensa para la circulación de un gran número

de virus zoonóticos. Entre ellos se encuentra el rotavirus A, un agente causal de diarreas neonatales en cerdos de maternidad. Varios informes describen la transmisión entre especies, 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 los cerdos domésticos, el hombre y los cerdos silvestres.

Este estudio tiene como objetivo caracterizar la situación sanitaria de la población de cerdos silvestres de vida libre de la Bahía de Samborombón respecto de virus emergentes y re-emergentes, y determinar coinfección entre ellos en función al plan de control de la población de cerdos silvestres en áreas protegidas, preservando, de esta forma, la biodiversidad y el ambiente.

MATERIALES Y MÉTODOS

La reserva natural Bahía de Samborombón (Fig. 1), considerada Sitio Ramsar de importancia internacional desde el 24 de enero de 1997, es el humedal mixohalino más extenso de Argentina, está 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, con el objetivo de preservar la biodiversidad y el ambiente de la región (<https://www.opds.gba.gov.ar>, <https://normas.gba.gov.ar/ar-b/disposicion/2019/3/213696>)

Entre abril de 2022 y enero de 2023, en el marco del mencionado proyecto de control, se realizaron siete muestreos, donde se capturaron al azar y con disparos de armas de fuego 52 ejemplares de cerdos silvestres adultos, siguiendo el protocolo para el uso de Animales de Investigación Científica 1°2-12-109p del CICUAL, FCV-UNLP. Se delimitó un área de muestreo (Fig. 1) dentro de este refugio de vida silvestre. A campo se realizó la necropsia y de cada ejemplar 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 de la Universidad Nacional de La Plata.

A partir de los diferentes órganos recolectados se cortaron muestras de aproximadamente 1 cm², las cuales se lavaron con solución de buffer de fosfato (PBS) estéril a pH 7,0-7,2 suplementado con penicilina (10 000 UI/mL), estreptomycin (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 que generaron una suspensión al 20 % P/V. Luego de su centrifugación a 1500 rpm durante 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 una proporción de 1:4 para realizar la extracción de ARN con Trizol y retrotranscripción con MMLV y cebadores aleatorios para obtener el ADNc.

Las técnicas de PCR se realizaron con los cebadores y las condiciones descritas según la **Tabla 1**. Para PRV se utilizaron los cebadores para la detección de los genes *gD*, *Cap* para PCV2 y PCV3, *NSP5* para RVA y *NS1* para PPV. Los productos de cada PCR fueron analizados en geles de agarosa al 1.5 % mediante corridas electroforéticas, posteriormente teñidos con bromuro de etidio y observados bajo luz UV.

La detección de anticuerpos anti-PRV se realizó a través de la técnica de virus neutralización utilizando el método convencional suero variable-virus constante de acuerdo con Martin et al. (1983). Los sueros problema fueron inactivados a 56 °C durante 30 minutos 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 minutos 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 horas en las mismas condiciones descritas hasta su lectura.

RESULTADOS

Para los 52 individuos capturados se obtuvieron porcentajes de detección variables para cada virus analizado. El porcentaje de muestras positivas obtenido mediante PCR fue: 84.61 % para PPV; 67.30 % para PCV3; 53.84 % para PCV2; 7.69 % para RVA, y 5.76 % para PRV (**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 analizó un total de 48 muestras de suero, ya que cuatro no arribaron al laboratorio en las condiciones adecuadas. Los títulos obtenidos oscilaron entre 1/8 y 1/64.

En el análisis de las coinfecciones entre los virus se obtuvieron resultados positivos de 30.7 % para dos virus, de 28.85 % para tres virus y de 9.82 % para cuatro virus. No hubo detección simultánea de los cinco virus en ningún animal (Fig. 2). De los 52 animales analizados en forma desagregada, 10 fueron positivos a un solo virus (cinco a PCV2, cuatro a PCV3 y uno a PPV), mientras que en seis animales no hubo detección viral (11.54 %). Se hallaron coinfecciones con dos virus en 16 animales (nueve para PCV2 y PPV y siete para PCV2 y PCV3), con tres virus en 15 animales (14 para PCV2, PCV3 y PPV, y uno para PCV2, PCV3 y RVA), mientras que con cuatro virus

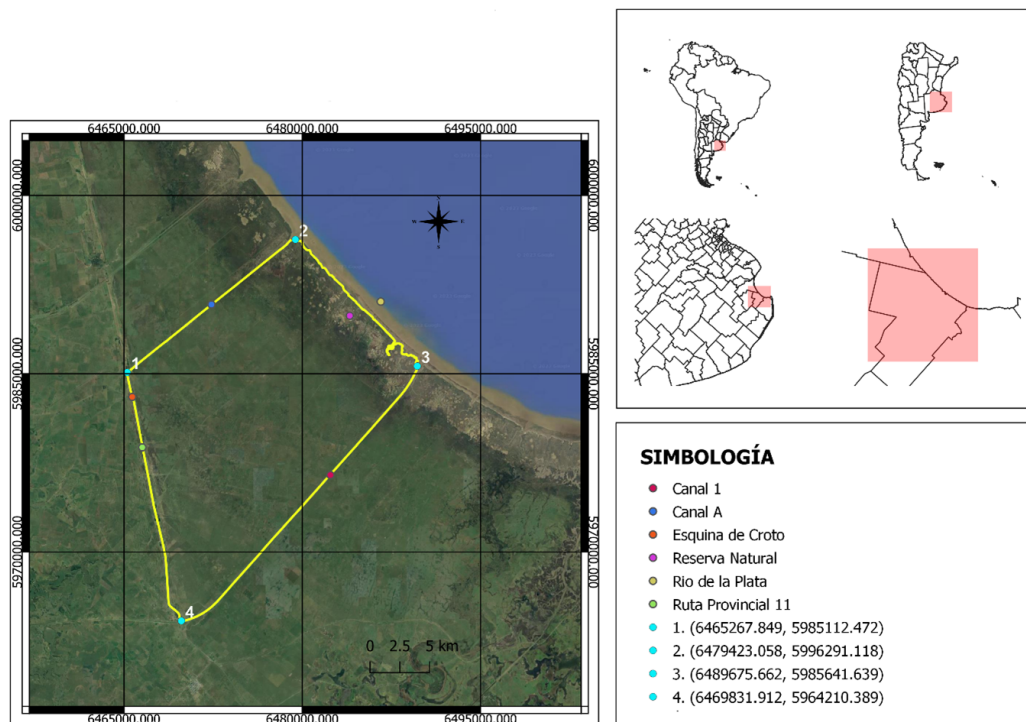


Fig. 1. Reserva natural Bahía de Samborombón, provincia de Buenos Aires, Argentina. Sitio de muestreo de *Sus scrofa* entre abril de 2022 y enero de 2023. En amarillo el área de estudio delimitada por los puntos que representan: Canal 1 en rosa; Canal A en azul; Esquina de Croto en naranja; Reserva Natural en fucsia; Río de la Plata en amarillo; Ruta Provincial N° 11 en verde.

se hallaron, por un lado, dos animales con PRV, PPV, PCV2 y PCV3 y otros dos con PPV, PCV2, PCV3 y RVA.

DISCUSIÓN

Nuestro estudio pone en evidencia la presencia de patógenos virales en la población de cerdos silvestres de la Bahía de Samborombón y valida el papel de estos individuos como reservorio de enfermedades infecciosas con implicancia en salud pública. Se destacan aquí los hallazgos de coinfección de hasta cuatro virus en la región de estudio, con porcentajes de prácticamente el 30 % para coinfección con dos o tres virus, lo que indica la alta circulación de estos patógenos en la zona de muestreo.

La prevalencia de PCV2 por PCR fue del 53.84 % en los individuos muestreados, y 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 (Fabisiak 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 a los diferentes tipos de tejidos analizados en cada estudio.

Para el caso de PCV3, detectado recientemente en Argentina por nuestro grupo (Serena et al. 2019b, 2020), la prevalencia ha sido menor respecto del PCV2 en países como Italia y Alemania (Franzo et al. 2018; Prinz et al. 2019). En este estudio encontramos lo contrario, valores de positividad cercanos al 70 % para el PCV3, lo que avala la teoría que indica que este virus es endémico a nivel mundial, aunque sigue siendo muy difícil establecer si afecta a la salud de los cerdos silvestres. Es importante resaltar que ambos virus se han detectado en rumiantes silvestres de otros países, como cabras y venados (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 *Ozotoceros bezoarticus celer*, una especie endémica que se encuentra en estado

Tabla 1

Descripción de los cebadores y temperaturas de hibridación utilizados para la detección de los virus analizados, tamaño del fragmento obtenido y la cita bibliográfica correspondiente.

Virus	Tamaño de fragmento	Cebadores (5'-3')	T.° de hibridación	Cita
PRV	217 pb	gD F- GTGCACGGACGAGCTGGGGCT- gD R- GACGTCCACGCCCGCTTGAAGCT-	60°	(Serena et al. 2018)
PCV2	465 pb	CAP F-CTTTTATCACTTCGTAATG- 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)-GGTCGTGATTGTGTGATGAATCCATAGA-	60°	(Ben et al. 2010)
PPV	148 pb	NS1 F'-CTTGAGCCGTGGAGCGAGC- NS1 R- TGCACAGTTTTCCACAAAGCAGGC-	60°	(Serena et al. 2019a)

*Referencias: Pseudorabia (PRV); Circovirus porcino tipo 2 (PCV2); Circovirus porcino tipo 3 (PCV3); Rotavirus A (RVA); Parvovirus porcino (PPV).

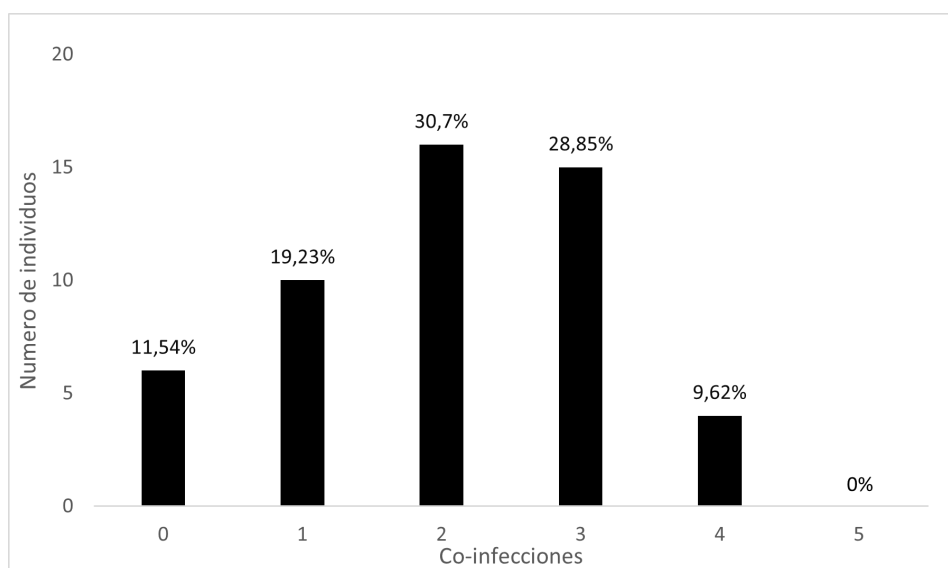


Fig. 2. Número de individuos de *Sus scrofa* infectados en función de la cantidad de virus detectada. Sobre las barras se evidencian los porcentajes de detección en base al total de individuos analizados según el estudio llevado a cabo entre abril de 2022 y enero de 2023 en la Bahía de Samborombón.

crítico de conservación (Perez Carusi 2015). Por lo tanto, su coexistencia podría hacerlo susceptible a la infección viral, y alterar así su dinámica poblacional.

Para el caso del PRV, se registraron valores de PCR menores del 6% en las muestras analizadas, en contraposición con los altos valores serológicos obtenidos mediante virus neutralización (54.16%). Esta diferencia podría estar asociada con el tipo de muestra utilizada en la técnica molecular, ya que posiblemente se encuentre en forma de latencia y no circulando en el organismo al momento de captura. 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 que se hayan registrado signos clínicos 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 del PRV, son muy variables y dependen del estado sanitario de los cerdos domésticos de la región evaluada (Albayrak et al. 2013).

Tabla 2

Cantidad de individuos (*Sus scrofa*) negativos/positivos obtenidos tras la detección, por PCR, de los virus de interés y su porcentaje de positividad respectiva.

Virus	N° de individuos negativos	N° de individuos positivos	% de positivos
PPV	8	44	84,61 %
PCV3	17	35	67,30 %
PCV2	24	28	53,84 %
RVA	49	3	5,76 %
PRV	49	3	5,76 %

Referencia: Parvovirus porcino (PPV); Circovirus porcino de tipo 2 (PCV2); Circovirus porcino de tipo 3 (PCV3); Rotavirus A (RVA);Pseudorabia (PRV).

En otro estudio realizado en la Patagonia argentina se encontraron casos de pseudorrabia en perros de caza alimentados con carne de cerdos silvestres (Brizzio et al. 2018). Resultados similares se obtuvieron en los EE. UU. (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, como técnicos de laboratorio y veterinarios (Mravak et al. 1987; Anusz et al. 1992; Zheng et al. 2022). Además, se han notificado casos de pseudorrabia en bovinos y zorros (Caruso et al. 2014; Cheng et al. 2020; Ciarello et al. 2020), hecho que confirma que este virus afecta a diferentes especies que podrían actuar como 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 la posibilidad de transmisión natural entre cerdos domésticos, silvestres y el hombre aumente exponencialmente. 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.

Respecto de la coinfección de cerdos silvestres con dos virus o más, en el estudio realizado anteriormen-

te en la Bahía de Samborombón se informó que en 20 de 30 cerdos silvestres existía coinfección entre PRV, PPV, PCV2 y PCV 3 (Serena et al. 2019b). Se informaron resultados similares en Alemania (Prinz et al. 2019), donde, además de demostrar una alta tasa de prevalencia de PCV3 en cerdos silvestres, también se detectaron coinfecciones de PCV2 con PCV1. Por otro lado, otros estudios demostraron la coinfección de PCV2 con PCV3 (Auer et al. 2022). En nuestro país se observaron coinfecciones de PCV3 con PPV en cerdos de producción porcina (Serena et al. 2020), al igual que lo detectado en este estudio con cerdos silvestres de la Bahía de Samborombón.

Los valores de coinfección encontrados en este estudio con tres virus (PCV2 + PCV3 + PPV y PCV2 + PCV3 + RVA) resaltan la alta circulación de estos patógenos en la zona de estudio. Una característica que comparten estos virus es que carecen de envoltura viral, lo cual les confiere mayor resistencia a los factores ambientales, como precipitaciones, temperatura, humedad, etc., característicos de la zona. Por otro lado, el ingreso por vía oronasal al organismo, junto con las características ecológicas propias de la especie, como la estructura social matriarcal compuesta por varias hembras y sus crías (Cuevas 2012), favorece la mayor transmisibilidad de estos virus.

Desde 2008, la OIE, FAO y OMS, con la colaboración de UNICEF, UNSIC y el Banco Mundial, presentan el concepto “UNA SALUD” que tiene como objetivo abordar los problemas sanitarios en la interfaz animal-hombre-ambiente (Zunino 2018). De este modo, con la mirada puesta en este concepto y teniendo en cuenta que en los últimos años el 60 % de las enfermedades humanas tienen origen animal (<https://www.woah.org/es/un-mundo-una-salud/>), es necesario realizar una vigilancia sanitaria en las poblaciones de cerdos silvestres, ya que las carac-

terísticas comportamentales y el cambio de hábitat constante condicionado por la falta de alimento y agua impulsa a esta especie a tomar contacto estrecho con animales silvestres, domésticos y el hombre, lo que genera nuevas interacciones que favorecen la transmisión viral entre especies.

CONCLUSIONES

La presencia de varios patógenos virales en la población de cerdos silvestres de la Bahía de Samborombón y los altos valores de coinfección con tres virus en prácticamente un tercio del muestreo ponen en evidencia la circulación y transmisión de enfermedades virales en esa población. Sería interesante caracterizar las cepas circulantes en futuros estudios para poder compararlas con las encontradas en los animales de producción porcina, con el fin de establecer si existe interacción entre cerdos silvestres y domésticos en la zona de muestreo.

Si bien la estacionalidad no fue tenida en cuenta en nuestro muestreo debido a las condiciones de toma de muestra bajo el programa de control de la especie, sería enriquecedor poder caracterizar si las infecciones virales en esta población siguen un comportamiento de estacionalidad.

Finalmente, sería importante también poder monitorizar el estado sanitario de las poblaciones de animales silvestres, con el fin de registrar la posibilidad de ingreso de nuevos patógenos bajo un contexto de salud global entre los animales, el ambiente y el hombre; todo ello para profundizar en el conocimiento de la epidemiología de las enfermedades y generar nuevas políticas de control a nivel nacional.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a los Guardaparques Gabriel Castresana, Pablo Rojas y Francisco Adrio, y al Técnico Claudio Leguizamón, LAVIR, FCV-UNLP. Este estudio fue parcialmente financiado con el PICT. Preservación de la biodiversidad y medioambiente mediante el control del cerdo silvestre. Detección de patógenos emergentes y re-emergentes con incidencia en salud pública PICT-2019-2019-02756.

LITERATURA CITADA

ACOSTA, D., C. FIGUEROA, C. G. FERNÁNDEZ, B. CARPINETTI, & M. MERINO. 2019. Genetic diversity and phylogenetic relationships in feral pig populations from Argentina. *Mammalian Biology* 99:27-36. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mambio.2019.09.013>

AL DAHOUK, S. ET AL. 2005. Seroprevalence of brucellosis, tularemia, and yersiniosis in wild boars (*Sus scrofa*) from north-eastern Germany. *Journal of Veterinary Medicine. Series B*. 52:444-55. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0450.2005.00898.x>

ALBAYRAK, H., E. OZAN, & A. CAVUNT. 2013. A serological survey of selected pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) in northern Turkey. *European Journal of Wildlife Diseases* 59:893-897. <http://dx.doi.org/10.1007/s10344-013-0743-6>

ANUSZ, Z., W. SZWEDA, & T. E. POJKO. 1992. Is Aujeszky's disease a zoonosis? *Prz. Epidemiol* 46:181-186.

ARTUSO, M. C. ET AL. 2014. Determinación viral y caracterización molecular del virus de Aujeszky en plantas de fauna y cerdos salvajes, como parte del Programa Oficial de Vigilancia Epidemiológica en la República Argentina. *Revista SNS SENASA* 5-6:62-66. <http://dx.doi.org/10.2307/j.ctv282jjz.11>

AUER, A. ET AL. 2022. Porcine Circoviruses and Herpesviruses are prevalent in an austrian game population. *Pathogens* 11:305. <https://doi.org/10.3390/pathogens11030305>

BALLARI, S. A. ET AL. 2019. *Sus scrofa*. Categorización 2019 de los mamíferos de Argentina según su riesgo de extinción. Lista Roja de los mamíferos de Argentina. (SayDS SAREM, eds.). Versión digital: <http://cma.sarem.org.ar>

BÁNYAI, K. ET AL. 2009. Molecular characterization of a rare, human-porcine reassortant rotavirus strain, G11P[6], from Ecuador. *Archives of Virology* 154:1823-1829. <http://doi.org/10.1007/s00705-009-0499-1>

BARRIOS-GARCÍA M. N., & S. B. BALLARI. 2012. Impact of wild boar (*Sus scrofa*) in its introduced and native range: A review. *Biological Invasions* 14:2283-2300. <http://dx.doi.org/10.1007/s10530-012-0229-6>

BEN, A. N. ET AL. 2010. Multiplex nested RT-PCR for the detection of porcine enteric viruses. *Journal of Virological Methods* 165:283-293. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jvromet.2010.02.010>

BRIZZIO, R., M. ALVAREZ, E. THERN, & J. DAFFNER. 2018. Caso clínico de pseudorrabia en canino de caza de jabalí (*Sus scrofa*) en el Valle Medio de Río Negro, Argentina. *Revista Medicina Veterinaria (B. Aires)* 99:117-120. <http://dx.doi.org/10.17139/raab.2018.0020.02.03>

BRNIC, D. ET AL. 2022. Rotavirus A in domestic pigs and wild boars: high genetic diversity and interspecies transmission. *Viruses* 14:2028. <https://doi.org/10.3390/v14092028>

CARPINETTI, B. N. 2014. Vigilancia epidemiológica en poblaciones de cerdos silvestres (*Sus scrofa*). Implicancias para la salud pública, la producción animal y la conservación de la biodiversidad. *SNS* 6:67-76. <http://dx.doi.org/10.3989/graellsia.2003.v59.i2-3.253>

CARPINETTI, B. N. ET AL. 2017. Determinación de anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos seleccionados en la población de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Argentina. *Analecta Veterinaria* 37:21-27. <http://dx.doi.org/10.24215/15142590e004>

CARPINETTI, B. N., & M. L. MERINO. 2023. Jabalíes y cerdos cimarrones en la Argentina: una guía de manejo para productores rurales. 1° ed. Universidad Nacional Arturo Jauretche, Florencio Varela, Buenos Aires, Argentina. <http://dx.doi.org/10.18041/entramado.2016v12n2.24207>

CARUSO, C. ET AL. 2014. Aujeszky's disease in red fox (*Vulpes vulpes*): Phylogenetic analysis unravels an unexpected epidemiologic link. *Journal of Wildlife Disease* 50:707-710. <http://dx.doi.org/10.7589/2013-11-312>

CHANG REISSIG E., A. MASSONE, & F. A. UZAL. 2009. Evaluación sanitaria del ciervo colorado (*Cervus elaphus*) y jabalí (*Sus scrofa*). *Macroscopia* 1:1-4.

CHENG, Z. ET AL. 2020. Natural infection of a variant pseudorabies virus leads to bovine death in China. *Transboundary Emerging Diseases* 67:518-522. <http://dx.doi.org/10.1111/tbed.13427>

CIARELLO, F. P. ET AL. 2020. First report of a severe outbreak of Aujeszky's disease in cattle in Sicily (Italy). *Pathogens* 9:954. <http://dx.doi.org/10.3390/pathogens9110954>

CIARELLO, F. P. ET AL. 2022. Aujeszky's disease in hunting dogs after the ingestion of wild boar raw meat in Sicily (Italy): clinical, diagnostic and phylogenetic features. *BMC Veterinary Research* 18:27. <http://dx.doi.org/10.1186/s12917-022-03138-2>

- CRAMER, S. ET AL. 2011. Pseudorabies virus infection in Oklahoma hunting dogs. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation* 23:915-23.
- CROSBY, A. W. 1986. *Ecological imperialism: the biological expansion of Europe, 900-1900*. Cambridge University Press, New York, USA. <http://dx.doi.org/10.1086/ahr/93.4.1021-a>
- CSAGOLA, A., S. KECSKEMETI, G. KARDOS, I. KISS, & T. TUBOLY. 2006. Genetic characterization of type 2 porcine circoviruses detected in Hungary wild boar. *Archives of Virology* 151:495-507. <http://dx.doi.org/10.1007/s00705-005-0639-1>
- CUEVAS, M. F., A. NOVILLO, C. CAMPOS, M. A. DACAR, & R. OJEDA. 2010. Food habits and impact of rooting behaviour of the invasive wild boar, *Sus scrofa*, in a protected area of the Monte Desert, Argentina. *Journal of Arid Environment* 74:1582-1585. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jaridenv.2010.05.002>
- CUEVAS, M. F. 2012. *Ecología del jabalí (sus scrofa) en el desierto del monte central, argentina*. Tesis de Doctorado. Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. <http://dx.doi.org/10.19070/2329-9967-1500011>
- CUEVAS, M. F., L. MASTRANTONIO, R. OJEDA, & F. M. JAKSIC. 2012. Effects of wild boar disturbance on vegetation and soil properties in the Monte Desert, Argentina. *Mammalian Biology* 77:299-306.
- DEGIUSEPPE, J. I., J. C. BELTRAMINO, A. MILLÁN, J. A. STUPKA, & G. I. PARRA. 2013. Complete genome analyses of G4P [6] rotavirus detected in Argentinean children with diarrhoea provides evidence of interspecies transmission from swine. *Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases* 19:E367-E371. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12216>
- DE MAIO, F. A. ET AL. 2023. Detection of porcine circovirus 2, porcine parvovirus 1, and torque teno sus virus k2a in wild boars from northeastern Patagonia, Argentina. *Archives of Virology* 168:208. <https://doi.org/10.1007/s00705-023-05831-5>
- DONG, H. J. ET AL. 2013. Identification of circulating porcine-human reassortant G4P[6] rotavirus from children with acute diarrhea in China by whole genome analyses. *Infection, genetics and evolution: journal of molecular epidemiology and evolutionary genetics in infectious diseases* 20:155-162. <http://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.08.024>
- EBANI, V. V., D. CERRI, A. POLI, & E. ANDREANI. 2003. Prevalence of Leptospira and Brucella antibodies in wild boars (*Sus scrofa*) in Tuscany, Italy. *Journal of Wildlife Disease*. 39:718-722. <http://dx.doi.org/10.7589/0090-3558-39.3.718>
- FABISIAK, M., A. SZCZOTKA, K. PODGORSKA, & T. STADEJEK. 2012. Prevalence of infection and genetic diversity of porcine circovirus type 2 (PCV2) in wild boar (*Sus scrofa*) in Poland. *Journal of Wildlife Diseases* 48:612-618. <http://dx.doi.org/10.7589/0090-3558-48.3.612>
- FORT M., A. OLVERA, M. SIBILA, J. SEGALÉ, & E. MATEU. 2007. Detection of neutralizing antibodies in postweaning multisystemic wasting syndrome (PMWS)-affected and non-PMWS-affected pigs. *Veterinary Microbiology* 125:244-255. <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.06.004>
- FRANZO, G. ET AL. 2018. First report of wild boar susceptibility to Porcine circovirus type 3: High prevalence in the Colli Euganei Regional Park (Italy) in the absence of clinical signs. *Transboundary Emerging Diseases* 65:957-962. <http://dx.doi.org/10.1111/tbed.12905>
- FRANZO, G. ET AL. 2019. A wild circulation: High presence of Porcine circovirus 3 in different mammalian wild hosts and ticks. *Transboundary Emerging Diseases* 66:1548-1557. <https://doi.org/10.1111/tbed.13180>
- HAMMER, R. ET AL. 2012. Porcine reproductive and respiratory syndrome virus and porcine circovirus type 2 infections in wild boar (*Sus Scrofa*) in Southwestern Germany. *Journal of Wildlife Diseases* 48:87-94. <http://dx.doi.org/10.7589/0090-3558-48.1.87>
- LARI, A. ET AL. 2006. Pseudorabies virus in European wild boar from central Italy. *Journal of Wildlife Disease* 42:319-324. <http://dx.doi.org/10.7589/0090-3558-42.2.319>
- LIZARRALDE, M. S. 2016. *Especies exóticas invasoras (EEI) en Argentina: categorización de mamíferos invasores y alternativas de manejo*. *Mastozoología Neotropical* 23:267-277.
- MARTIN, S., R. C. WARDLEY, & A. J. DONALDSON. 1983. Serological response of pigs infected with Aujeszky's Disease virus. *Res. Vet. Sci.* 35: 227-233. [http://dx.doi.org/10.1016/s0034-5288\(18\)32184-2](http://dx.doi.org/10.1016/s0034-5288(18)32184-2)
- MENGLING, W. L. 2006. *Porcine parvovirus. Diseases of Swine* (B. Straw). 9^o ed. Blackwell Publishing, Ames, IA, USA.
- MENG, X. J., D. S. LINDSAY, & N. SRIRANGANATHAN. 2009. Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. *Philosophical Transactions of the Royal Society*. 364:2697-2707. <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2009.0086>
- MERINO, M. L., & B. N. CARPINETTI. 2003. Feral pig *Sus scrofa* population estimates in Bahía Samborombón Conservation Area, Buenos Aires province, Argentina. *Mastozoología Neotropical* 10:269-275. <http://dx.doi.org/10.22201/ib.20078706e.2019.90.2851>
- MOUTELÍKOVÁ, R., L. DUFKOVÁ, J. KAMLER, J. DRIMAJ, R. PLHAL, & J. RODELALOVÁ. 2016. Epidemiological survey of enteric viruses in wild boars in the Czech Republic: First evidence of close relationship between wild boar and human rotavirus A strains. *Veterinary Microbiology* 193:28-35. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2016.08.003>
- MRAVAK, S., U. BIENZLE, H. FELDMEIER, H. HAMPL, & K. O. HABERMEHL. 1987. Pseudorabies in man. *Lancet* 1:501-502. [http://dx.doi.org/10.1016/s0140-6736\(87\)92105-2](http://dx.doi.org/10.1016/s0140-6736(87)92105-2)
- MÜLLER, T., E. HAHN, F. TOTTEWITZ, M. KRAMER, B. KLUPP, T. METTENLEITER. 2011. Pseudorabies virus in wild swine: a global perspective. *Arch. Virol.* 156:1691-1705. <http://dx.doi.org/10.1007/s00705-011-1080-2>
- MURPHY H., & H. LY. 2022. The potential risks posed by inter- and intraspecies transmissions of monkeypox virus. *Virulence* 13:1681-1683. <http://dx.doi.org/10.1080/21505594.2022.2127199>
- NARANJO, V., C. GORTAZAR, J. VICENTE, & J. DE LA FUENTE. 2008. Evidence of the role of European wild boar as a reservoir of Mycobacterium tuberculosis complex. *Veterinary Microbiology* 127:1-9. <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.10.002>
- NAVAS, J. A. 1987. Los vertebrados exóticos introducidos en la Argentina. *Revista del Museo Argentino de Ciencias Naturales*. 14:7-38. <https://normas.gba.gov.ar/ar-b/disposicion/2019/3/213696>. Última vez visitado el 30 de mayo de 2023.
- OKADERA, K. ET AL. 2013. Evidence of natural transmission of group A rotavirus between domestic pigs and wild boars (*Sus scrofa*) in Japan. *Infect Genet Evol* 20:54-60. <http://dx.doi.org/10.1016/j.meegid.2013.07.029>
- PÉREZ CARUSI, L. C. (2015). *Estudio de las interacciones entre venados de las pampas (Ozotoceros bezoarticus) y ungulados introducidos (ganado vacuno y chanchos cimarrones) en el Refugio de Vida Silvestre Bahía Samborombón, Argentina: implicancias para su conservación*. (Tesis Doctoral. Universidad de Buenos Aires. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.). https://hdl.handle.net/20.500.12110/tesis_n5798_PerezCarusi
- PRINZ, C., M. STILLFRIED, L. K. NEUBERT, & J. DENNER. 2019. Detection of PCV3 in German wild boars. *Virology Journal* 16:25. <http://dx.doi.org/10.1186/s12985-019-1133-9>
- RIBICICH, M. M. ET AL. 2020. A review on *Trichinella* infection in South America. *Veterinary Parasitology* 285:109234. <http://dx.doi.org/10.1016/j.vetpar.2021.109540>
- RÍO MORENO, J. L. 1996. El cerdo. Historia de un elemento esencial de la cultura castellana en la conquista y colonización de América (siglo XVI). *Anuario de Estudios Americanos* 53:13-35. <http://dx.doi.org/10.3989/aeamer.1996.v53.i1.430>
- ROSELL, C., P. FERNANDEZ-LLARIO, & J. HERRERO. 2001. El jabalí (*Sus scrofa*, linnaeus, 1758). *Galemys* 13:1-25.
- SERENA, M. S. ET AL. 2015. Vigilancia epidemiológica de las principales virosis que afectan a las poblaciones de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) en distintas zonas de la República Argentina. XI Congreso Argentino de Virología, CABA, 23-26 de junio de 2015. <http://dx.doi.org/10.20453/stv.v3i1.2759>

- SERENA, M. S. ET AL. 2018. First isolation and molecular characterization of Suid herpesvirus type 1 from a domestic dog in Argentina. *Open Veterinary Journal* 8:131-139. <http://doi.org/10.4314/ovj.v8i2.3>
- SERENA, M. S. ET AL. 2019a. Detection and molecular characterization of porcine parvovirus in fetal tissues from sows without reproductive failure in Argentina. *Heliyon* 5:e02874. <http://doi.org/10.1016/j.heliyon.2019.e02874>
- SERENA, M. S. ET AL. 2019b. Estudio y detección de patógenos de importancia en la industria porcina en cerdos (*Sus scrofa*) silvestres de la Provincia de Buenos Aires. XV Congreso Argentino de Microbiología (CAM 2019), CABA, 25-27 septiembre 2019. <http://dx.doi.org/10.35537/10915/89082>
- SERENA, M. S. ET AL. 2020. First detection and genetic characterization of porcine circovirus type 3 (PCV3) in Argentina and its association with reproductive failure. *Transboundary and Emerging Diseases* 68:1761-1766. <http://dx.doi.org/10.1111/tbed.13893>
- SERENA, M. S. ET AL. 2021. Primera detección y caracterización genética del circovirus porcino tipo 3 (PCV3) en Argentina y su asociación con el fallo reproductivo. *Enfermedades Transfronterizas y Emergentes* 68:1761-1766. <http://doi.org/10.1111/tbed.13893>
- SIBILA, M. ET AL. 2021. Genotyping of Porcine Circovirus 2 (PCV-2) in vaccinated pigs suffering from PCV-2-systemic disease between 2009 and 2020 in Spain. *Pathogens* (Basel, Switzerland) 10:1016. <https://doi.org/10.3390/pathogens10081016>
- VERPOEST, S., A. B. CAY, H. FAVOREEL, & N. DE REGGE. 2016. Pseudorabies virus isolates from domestic pigs and wild boars show no apparent in vitro differences in replication kinetics and sensitivity to interferon-induced antiviral status. *Journal of General Virology* 97:473-479. <http://dx.doi.org/10.1099/jgv.0.000348>
- WANG, X., W. LI, X. XU, W. WANG, K. HE, & H. FAN. 2018. Phylogenetic analysis of two goat-origin PCV2 isolates in China. *Gene* 651:57-61. <http://dx.doi.org/10.1016/j.gene.2018.01.095>
- WILLIMAN, M. M. ET AL. 2022. Detección y Caracterización molecular de PCV2 en cerdos salvajes de la Bahía de Samborombón. XXI Jornadas de Actualización Porcina, Río Cuarto, Córdoba, 3 y 4 de noviembre de 2022. http://dx.doi.org/10.26640/ceccoldo.dataset_00456
- YANG H., H. HAN, H. WANG, Y. CUI, H. LIU, & S. DING. 2019. Case of human viral encephalitis caused by pseudorabies virus infection in China. *Front Neurol* 10:534. <http://dx.doi.org/10.3389/fneur.2019.00534>
- ZHENG, H. H., P. F. FU, H. CHEN, & Z. Y. WANG. 2022. Pseudorabies virus: from pathogenesis to prevention strategies. *Viruses* 14:1638. <http://doi.org/10.3390/v14081638>
- ZUNINO, P. 2018. Historia y perspectivas del enfoque “Una Salud”. *Veterinaria* (Montevideo) 54:46-51. http://www.scielo.edu.uy/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1688-48092018000200046&lng=es&tlng=es