

MEJORA DE LA RESILIENCIA A PRRSv EN CERDAS REPRODUCTORAS

Fraile¹, L., Abella^{1,2}, G., Novell³, E., Tarancón³, V., Varona⁴, L., Pena¹, R.N. y Estany¹, J.

¹Universitat de Lleida - Agrotecnio Center, 25198 Lleida. ²Pinsos del Segre SA, 25600 Balaguer. ³Grup de Sanejament Porcí, 25192 Lleida. ⁴ Universidad de Zaragoza, 50013 Zaragoza.; lorenzo.fraile@ca.udl.cat

INTRODUCCIÓN

El virus del Síndrome Reproductivo y Respiratorio Porcino (PRRSv) es uno de los mayores problemas sanitarios y económicos al que se enfrenta el sector porcino, especialmente en zonas de alta producción intensiva (Fraile et al., 2010). En su variante reproductiva, entre otros síntomas, provoca que las cerdas reproductoras afectadas presenten una mayor proporción de abortos tardíos, lechones muertos y momificados (Lunney et al., 2010). La actual estrategia vacunal no permite controlar completamente el desarrollo de la enfermedad, por lo que se ha propuesto como alternativa identificar a las cerdas con mejor respuesta a la infección. En efecto, estudios recientes han mostrado que existe variabilidad entre las cerdas en cuanto a la respuesta a PRRSv (Rashidi et al., 2014), así como genes asociados que pudieran contribuir a explicarla (Reiner, 2016). Tanto para el análisis y aprovechamiento de tal variabilidad resulta necesario disponer de un método de fenotipado practicable que permita identificar aquellas cerdas con mayor probabilidad de resiliencia a PRRSv. Pena et al. (2012) propusieron un criterio, posteriormente formalizado por Abella et al. (2016), para detectar precozmente la resiliencia a PRRSv según la carga viral observada tras vacunar con una cepa europea atenuada. En un trabajo previo de nuestro grupo (Fraile et al., 2018), comprobamos que el criterio propuesto presentaba variación genética y que las cerdas identificadas como resilientes tenían menos pérdidas de lechones de las consideradas sensibles. Estos resultados, no obstante, se obtuvieron en condiciones exclusivamente endémicas de la enfermedad, pues no se declaró ningún brote epidémico en el transcurso del experimento. Durante este último año se ha dado dicha circunstancia, y así, ahora resulta posible extender los resultados anteriores a una situación epidémica. El objetivo de esta comunicación es validar el comportamiento de las cerdas resilientes en un brote epidémico de PRRSv y comprobar en qué medida difiere del observado en una situación endémica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material animal. En el experimento se han utilizado 382 cerdas Landrace x Large White procedentes de 110 camadas de una granja de multiplicación negativa a PRRSv. Todas las camadas se eligieron de cuatro lotes en los que no se practicó la adopción. A las 6-7 semanas de vida, las cerdas se fenotiparon como resilientes (R; n=136) o susceptibles (S; n=246) según la prueba de fenotipado que se detalla a continuación. Posteriormente, a los 7 meses de edad y un peso de 130 kg, se trasladaron a una misma granja de producción, que se clasificó como estable positiva a PRRSv. A la entrada, las cerdas se alojaron en la unidad de cuarentena, donde siguieron el programa de vacunación de la empresa que no incluyó vacuna frente al virus PRRSv. Ya en la unidad de reproducción, las cerdas se inseminaron, anotándose en cada parto el número de lechones nacidos vivos (NV), nacidos muertos (NM) y momificados (MM). El total de lechones perdidos (NLP) se calculó como la suma de NM y MM y el total de lechones nacidos (NT) como la suma de NV y NLP. Se registraron todos los partos ocurridos desde abril de 2016 hasta octubre de 2018. Hasta finales de Junio de 2018 la condición de la granja fue de estable positiva para PRRSv (EN: endémica) y a partir de esa fecha en delante de inestable positiva (EP: epidémica). En este trabajo se han utilizado los datos de 1.464 partos, de los cuales 1.280 se produjeron en fase endémica y 184 en fase epidémica.

Fenotipado. Las cerdas se vacunaron a las 6-7 semanas por vía intramuscular con 2 mL Porcilis PRRS[®] (MSD Animal Health), equivalente a 10⁵ TCID₅₀ de PRRSv cepa DV por animal. La vacunación tuvo lugar en unas instalaciones independientes para evitar que el virus se transmitiera al interior de la granja. A todas las cerdas se les extrajo una muestra de sangre a los 0, 7, 21 y 42 días post-vacunación (DPV). En las muestras obtenidas a los

0, 7 y 21 DPV se determinó la viremia mediante PCR semicuantitativa a tiempo real para RNA de PRRSv (Abella et al., 2016). El resultado del ensayo fue positivo o negativo según si el ciclo umbral fue menor (positivo) o igual o mayor (negativo) que 40. Las cerdas se clasificaron como R si fueron negativas a PRRSv a los 7 y 21 DPV o como S si fueron positivas en alguno de los dos días. Ninguna muestra fue positiva a los 0 DPV, confirmando así que las cerdas no estuvieron expuestas al virus antes de la vacunación.

Análisis estadístico. Los datos de NT y NV se analizaron asumiendo una distribución normal con un modelo lineal que incluyó, como efectos sistemáticos, el lote de vacunación, el orden de parto y el estatus x situación del parto, además de los efectos individuales de la cerda y de la madre. El efecto estatus x situación se definió según las cuatro combinaciones posibles entre el estatus de la cerda (R; S) y la situación en la se produjo el parto (EN; EP). Los datos de mortalidad (NM, MM y NLP) se analizaron asumiendo la siguiente distribución binomial (Varona y Sorensen, 2010):

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{t}, \boldsymbol{\phi}) = \prod_{i=1}^n \binom{t_i}{y_i} \phi_i^{y_i} (1 - \phi_i)^{t_i - y_i}$$

donde \mathbf{y} es el vector de datos (NM, MM, o NLP); \mathbf{t} , el vector de NT; y $\boldsymbol{\phi}$, el vector de probabilidades de nacer muerto, momificado o ambos. En un siguiente nivel de jerarquía la transformada logit de $\boldsymbol{\phi}$ se modelizó de igual forma que en NT y NV pero añadiendo las covariables NT y NT al cuadrado. Se asumió que los efectos individuales de la cerda y de la madre seguían una distribución a priori normal de media 0 y varianza σ_c^2 y σ_m^2 , respectivamente. Las distribuciones a priori de los efectos sistemáticos, de las dos covariables y de las componentes de la varianza se asumieron uniformes. Los modelos se resolvieron mediante muestreo de Gibbs (Gelfand y Smith, 1990) a partir de una única cadena de 500.000 iteraciones y después de descartar las primeras 50.000.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la **Tabla 1** se indican las diferencias reproductivas observadas entre las cerdas R y S según la situación sanitaria de la granja. Las cerdas S tuvieron más NT que las R, tanto en fase endémica (0,44 lechones, P=0,94) como epidémica (0,74 lechones, P=0,92). No se observaron diferencias en NV aunque, en fase epidémica, es más probable que una cerda R tenga más NV. Este cambio de tendencia se explica porque la mortalidad al nacimiento en los partos de las cerdas S es mayor que en los de las R. Así, a igual tamaño de camada, un lechón de una camada R tiene mayor probabilidad de nacer vivo (P≥0,97) que otro de una camada S, independientemente de si ha nacido durante una fase endémica o epidémica de PRRSv.

No obstante, la menor mortalidad observada en las camadas R tiene un origen diferente según la fase de la enfermedad, de tal forma que su mejor rendimiento se explica por presentar, en fase endémica, menos NM y, en fase epidémica, menos MM. Nótese que, en fase epidémica, una cerda S tiene el doble de probabilidad de parir un lechón momificado que una R (8,4% vs 4,0%. P=1,0). Este resultado confirma la principal hipótesis del experimento, puesto que una de las consecuencias más reconocibles de la infección con virus PRRSv en reproductoras es un aumento de MM. La presencia de PRRSv en lechones enfermizos y de anticuerpos en muestras de sangre ratificó que, en efecto, el virus circuló durante la fase endémica y que hubo un brote en la fase epidémica. En conjunto, los resultados obtenidos indican que las cerdas R, en ambientes donde circula el virus PRRS, son más eficientes que las S, pues alcanzan un NV igual o superior que las S, pero a menor NLP. Todo ello, además, sin considerar que los lechones R posiblemente se desenvuelvan también mejor durante la lactación y el engorde. Se concluye que el método propuesto como criterio de fenotipado tiene potencial para mejorar la resiliencia en cerdas reproductoras.

Tabla 1. Número esperado de lechones nacidos totales (NT) y vivos (NV) y probabilidad de que un lechón nazca muerto (ϕ_{NM}), momificado (ϕ_{MM}) o en cualquiera de ambas condiciones (ϕ_{NLP}) según la situación de la granja (endémica o epidémica) y del estatus de la cerda (R: resiliente; S: sensible).

	SITUACIÓN de la GRANJA					
	ENDÉMICA			EPIDÉMICA		
	R	S	P>0 ^a	R	S	P>0 ^a
NT	14,13	14,57	0,94	13,77	14,51	0,92
NV	11,97	12,17	0,79	11,30	11,15	0,38
ϕ_{NM} , %	12,98	14,95	0,98	13,26	13,63	0,59
ϕ_{MM} , %	0,65	0,72	0,63	4,00	8,40	1,00
ϕ_{NLP} , %	13,70	15,78	0,98	16,97	20,53	0,97

^a P>0: probabilidad de que una cerda S tenga un valor mayor que una cerda R.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abella, G. et al. 2016. Res. Vet. Sci. 104:117-122.
- Fraile, L. et al. 2010. Vet. J. 184:326-33
- Fraile, L. et al. 2018. XVII Reunión Mejora Animal, León.
- Gelfand, A.E. & Smith, A.F.M. 1990. J. Am. Stat. Assoc. 410: 398-409.
- Lunney, J.K. et al (2010). Virus Res. 154: 1-6.
- Pena, R. et al. 2012. XVI Reunión Mejora Genética Animal, Menorca.
- Reiner, G. 2016. Porcine Health Manag. 2: 27.
- Rashidi, H. et al. 2104. J. Anim. Sci. 92: 95-105.
- Varona, L. & Sorensen, D. 2010. Genetics. 184: 277–284.

Agradecimientos. Proyecto financiado por FEDER (COMRDI16-1-0035-03). G. Abella es beneficiaria de una ayuda de doctorado industrial (Generalitat de Catalunya, No. 2013 DI 027).

IMPROVING RESILIENCE TO PRRSv IN SOWS

ABSTRACT: In this experiment we investigated whether sows identified as resilient (R) were reproductively more efficient than susceptible (S) sows under porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSv) endemic and epidemic outbreaks. At 6-7 weeks of age, a piglet was phenotyped as R if it was PCR negative to PRRSv at 7 and 21 days post-vaccination or as S if any of the samples at 7 and/or 21 days were positive. A total of 382 phenotyped Landrace x Large White sows (136 R and 246 S) were allocated in a PRRSv-stable farm where a PRRSv outbreak occurred. Results from 1,464 farrowings confirmed that R sows were more efficient than S sows, since they were able to produce at least the same number of piglets born alive per parity but at a lower mortality rate, both in the endemic (15.8% vs 13.7%) and the epidemic (20.5% vs 17.0%) scenario.

Keywords: litter size, pigs, PRRSv, resilience, sow.