

Primer reporte de VDVB-1B en un hato de ovejas en Costa Rica

José Segura-Cubero, Antony Solórzano-Morales, Gaby Dolz

Programa de Investigación en Medicina Poblacional, Escuela de Medicina Veterinaria

Correos electrónicos: josesequera113@gmail.com, antony.solorzano.morales@una.cr, gaby.dolz.wiedner@una.cr



Introducción

Los pestivirus son capaces de infectar un amplio rango de animales de pezuña hendida. Actualmente, el género Pestivirus incluye el virus de la diarrea viral bovina 1 (BVDV-1) y 2 (BVDV-2), virus de la enfermedad de la frontera (BDV), y virus de la fiebre porcina clásica (CSFV). Recientemente se descubrió una nueva especie de pestivirus bovino, el virus HoBi o BVDV-3. BVDV-1, BVDV-2 y BDV son capaces de cruzar la barrera entre especies e infectan una amplia gama de huéspedes, mientras que CSFV infecta únicamente cerdos domésticos y jabalíes. El rango de hospedadores del virus HoBi es aún desconocido, aunque los datos sugieren una mayor adaptación de este virus a ruminantes que a porcinos. En Costa Rica, un 25% de muestras de un banco de sueros de bovinos (811/3200) resultó seropositivo para BVDV en 1995, mientras que muestras recolectadas de hatos lecheros entre 1987 y 2006, determinaron la presencia de un único genogrupo, BVDV-1b, en los aislamientos. Hasta la fecha no existen informes sobre la circulación de BVDV en ovinos en Costa Rica.

Objetivo

Determinar y caracterizar molecularmente la circulación de pestivirus en ovejas de Costa Rica.

Metodología

Un total de 37 sueros procedentes de una finca ovina de Mata de Plátano, Goicoechea, San José, fueron analizados en el 2015 mediante inmunoensayo enzimático (ELISA IDScreen® BVD p80 Antibody Competition) para determinar la presencia de anticuerpos contra BVDV y BDV. Una muestra de sangre se sometió a cultivo celular (células MDBK, dos pasajes), extracción de ARN con el ensayo QIAamp viral RNA purification kit (Qiagen), RT-PCR (Transcripción Reversa y Reacción en Cadena de la Polimerasa) y análisis filogenético. Se utilizó la RT-PCR que amplificó un producto de 221 pb de un fragmento no traducido del genoma viral (5'-UTR) del BVDV-1. El producto de PCR fue purificado y enviado a MacroGen (Corea) para su secuenciación.

Los sueros de los 37 animales se analizaron además mediante ELISA para determinar la presencia de anticuerpos contra Maedi Visna (ID Screen® MVV/CAEV Indirect), Lengua Azul (ID Screen® Bluetongue Competition), *Chlamydia abortus* (ID Screen® *Chlamydia abortus* indirect multi-species), *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* (ID Screen® Paratuberculosis Indirect), y *Neospora caninum* (*Neospora caninum* Antibody Test Ki t, cELISA, VMRD)

Resultados

Se detectó 36 (97.3%) animales seropositivos a BVDV/BDV (Cuadro 1). El análisis molecular y filogenético de la muestra sanguínea del único ovino seronegativo de la finca determinó la presencia de BVDV-1b en este animal (99.1% (219/221 pb) de identidad nucleotídica con BVDV-1B y 84.6% (171/202 pb) con BVDV-1a (Figura 1).

Este animal seronegativo, y detectado como persistentemente infectado con BVDV-1B, se había comprado hace cinco años a una lechería ubicada en las Nubes de Coronado, en donde las ovejas se criaban en la cercanía de establos y potreros de terneras. Al momento del muestreo tenía 8 años, condición corporal adecuada, sin signos clínicos pero además seropositivo a paratuberculosis. De un total de 7 partos solamente presentó un natimuerto.

El resultado del análisis serológico de todos los agentes infecciosos analizados en el hato ovino se muestra en el Cuadro 1. La alta seroprevalencia de BVDV/BDV despertó la sospecha sobre la presencia de un animal persistentemente infectado en el hato, lo que se confirmó finalmente con el análisis molecular.

La presencia de BVDV-1B en bovinos había sido reportado previamente. Los resultados serológicos obtenidos en el hato ovino, confirman reportes previos, sobre la amplia distribución de Lengua Azul, y la probable ausencia o muy baja prevalencia de *C. abortus* y Maedi Visna en hatos ovejeros de nuestro país. Se detectó un animal seropositivo a paratuberculosis, reportes recientes indican una seroprevalencia de 79.4% en hatos bovinos especializados. Las ovejas determinadas como seropositivos a *N. caninum* presentaron crías retrasadas en crecimiento.

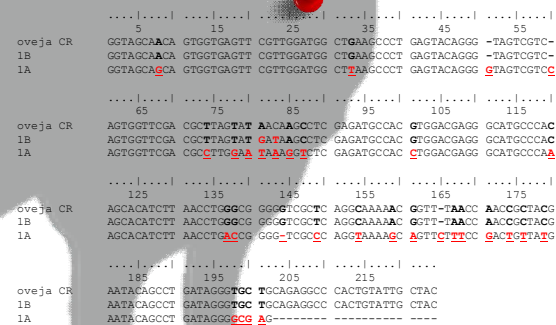


Figura 1. Alineamiento de un fragmento del 5'-UTR de un aislamiento de BVDV-1B en un ovino de Costa Rica con los genotipos BVDV-1B (GenBank: GU395535.1) y BVDV-1A (JX878887.1)

Conclusiones

- ✓ Este representa el primer reporte de una infección persistente de BVDV en ovejas de Costa Rica.
- ✓ Los hallazgos evidencian la presencia de distintas enfermedades en ovinos, que pueden generar pérdidas económicas importantes para el sector

Recomendaciones

- ✓ Incluir el BVDV dentro de los esquemas de manejo sanitario de hatos ovinos
- ✓ Ampliar las medidas de bioseguridad para el ingreso de animales en finca y evitar la interacción entre distintas especies animales.

Agradecimientos

Al Dr. Carlos Jiménez, Msc. Derling Pichardo y Rocío Cortes, Laboratorio de Virología, Escuela de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional.



Cuadro 1. Número de animales seropositivos a diferentes agentes infecciosos analizados en el hato ovino

Agente	Animales analizados +/Total	Positividad (%)
BVDV/BDV	36/37	97.3
Lengua Azul	9/37	24.3
<i>N. caninum</i>	3/37	8.1
Paratuberculosis	1/37	2.7
<i>C. abortus</i>	0/37	0
Maedi Visna	0/37	0