

DETECCIÓN DE INFLUENZA A EN GRANJAS PORCINAS DE ARGENTINA, 2025 - 2026

Biscia, M*¹; Benedetti, E²; Pontoriero, A²; Fossaroli, MG²; Sarradell, JE¹

1) Cátedra de Patología General y Especial Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Casilda, Santa Fe, Argentina.

2) Servicio Virosis Respiratorias, INEI – ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”, Buenos Aires, Argentina. *Biscia M: bisciamariana@fcv.unr.edu.ar ORCID ID: 0009-0007-6985-4919

INTRODUCCIÓN

Influenza A (IA) es capaz de infectar a los cerdos y producir enfermedad respiratoria, altamente contagiosa y potencialmente zoonótica. Los cerdos pueden infectarse con IA de origen porcino, humano y aviar, a partir de los cuales pueden generarse nuevos virus recombinantes (Van Reeth y Vincent, 2019). Influenza A es uno de los virus más ampliamente distribuidos en la población porcina mundial y en Argentina, la infección por IA en las granjas porcinas se considera endémica (Dibárbora y col., 2013; Cappuccio y col., 2017). En casos de endemidad, la limitada sintomatología puede permitir que el virus esté presente en las granjas porcinas sin generar sospechas clínicas, por lo que su presencia puede ser subestimada.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la situación de granjas porcinas intensivas de Argentina frente a la infección por influenza A.

MATERIALES Y MÉTODOS

Entre octubre de 2025 y enero de 2026 se visitaron 10 granjas porcinas intensivas seleccionadas por conveniencia que aceptaron el ingreso del grupo de investigación y la realización del muestreo. Los establecimientos estudiados abarcan sistemas de producción de pequeña a gran escala, y se ubican en las provincias de Santa Fe (5), Córdoba (3) y Buenos Aires (2).

Se recolectaron muestras grupales de fluido oral con cuerda de algodón y, cuando se identificaron animales con signos compatibles de infección con IA, también se tomaron muestras individuales de secreción de secreción nasal u orofaríngea mediante hisopados. En caso de recepción de cadáveres de cerdos para necropsia, se realizaron hisopados orofaríngeos y traqueobronquiales.

En todas las granjas se tomaron muestras en recría, y, cuando fue posible, también se incluyeron muestras de desarrollo-terminación, seleccionando aquellas salas o corrales en la que se identificaba presencia de tos o estornudo.

Las muestras se remitieron al Servicio de Patología Molecular de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de Rosario donde se acondicionaron y almacenaron a -80°C hasta su procesamiento. Para la extracción de ARN se usó el kit QIAamp Viral RNA Mini Kit. Posteriormente, las muestras fueron analizadas mediante RT-PCR convencional para detección del gen matriz y se confirmaron por RT-qPCR.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se recolectaron 110 muestras, incluyendo 63 muestras de fluido oral, 32 muestras individuales de secreción nasal u orofaríngea y 15 hisopados nasales y traqueobronquiales de cadáveres. En total, 46 muestras resultaron positivas (33 fluidos orales, 6 hisopos orofaríngeos y 7 hisopos de nasales y traqueobronquiales obtenidos en necropsia) (tabla 1).

Tabla 1. Detalle del tipo de muestras recolectadas y muestras positivas según la categoría animal.

Categoría	Muestra	Total	Positivos
Maternidad	HOF	7	0
Recría	FO	48	25
	HOF	22	6
	HTB	13	5
	HN (*)	2	2
Desarr-termin.	FO	15	8
	HOF	1	0
Reproductoras	HN	2	0
Total		110	46

Desarr-termin.: desarrollo-terminación; HOF: hisopos orofaríngeos; FO: fluido oral; HTB: hisopos traqueobronquiales; HN: hisopos nasales; (*): recolectados en necropsia.

Si bien las manifestaciones clínicas fueron variables entre granjas, todas las granjas estudiadas presentaron al menos una muestra positiva.

Los resultados coinciden con estudios previos realizados a nivel nacional, donde se reportó la presencia endémica de IA en las granjas estudiadas (Dibárbora y col., 2013; Cappuccio y col., 2017). Sin embargo, en la mayoría de los establecimientos la infección con IA no era considerada una problemática sanitaria.

Dado el rol epidemiológico del cerdo y la presencia en Argentina de virus altamente patógenos en aves (Artuso y col., 2024) y nuevas cepas en humanos, como el H3N2 subclado K (reporte del ANLIS-Malbrán, 2025), los resultados del presente estudio destacan la importancia de continuar implementando estrategias de vigilancia, control y prevención. A su vez, para poder comprender más cabalmente la epidemiología de IA, resulta necesario realizar estudios de secuenciación que permitan caracterizar los virus circulantes en las granjas porcinas del país.

BIBLIOGRAFÍA

- Artuso y col. 2024. Detection and characterization of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b virus circulating in Argentina in 2023, Revista Argentina de Microbiología.
- Cappuccio y col. 2017. Two years of surveillance of influenza A virus infection in a swine herd. Results of virological, serological, and pathological studies. Comparative immunology, microbiology, and infectious diseases, 50, 110–115.
- Dibárbora y col. 2013. Swine influenza: clinical, serological, pathological, and virological cross-sectional studies in nine farms in Argentina. Influenza and other respiratory viruses, 7 (Suppl 4), 10–15.
- Van Reeth y col. 2019. Influenza viruses. En: J.J. Zimmerman, L.A. Karriker, A. Ramirez, K.J. Schwartz, G.W. Stevenson, J. Zhang (Ed). Diseases of Swine (11 ed., pp. 576–593). John Wiley & Sons, Inc., Ames, IA.