

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

<https://doi.org/10.35381/s.v.v8i2.4174>

Métodos diagnósticos del virus del cólera porcino

Diagnostic methods for swine cholera virus

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay

ingrithgy09@uniandes.edu.ec

Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Tungurahua
Ecuador

<https://orcid.org/0009-0003-8246-588X>

Adriana Mercedes Solis-Bonilla

adrianasb03@uniandes.edu.ec

Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Tungurahua
Ecuador

<https://orcid.org/0009-0009-3869-2579>

Gissela Esperanza Villa-Llundo

gisselavl43@uniandes.edu.ec

Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Tungurahua
Ecuador

<https://orcid.org/0009-0001-8176-9270>

Mildre Mercedes Vidal-del-Río

ua.mildrevidal@uniandes.edu.ec

Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Tungurahua
Ecuador

<https://orcid.org/0000-0003-3496-5057>

Recibido: 15 de diciembre 2023

Revisado: 20 de enero 2024

Aprobado: 15 de marzo 2024

Publicado: 01 de abril 2024

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

RESUMEN

Objetivo: identificar los métodos diagnósticos del virus del cólera porcino. **Método:** Descriptivo documental. **Conclusión:** Los avances en los métodos diagnósticos del virus del cólera porcino han tenido un impacto significativo en la capacidad para gestionar y controlar esta enfermedad en la industria porcina. La incorporación de tecnologías avanzadas, como la RT-PCR en tiempo real, la multiplex qRT-PCR y CRISPR/Cas13a, ha mejorado notablemente la precisión y la rapidez en la detección del virus, permitiendo una diferenciación efectiva entre cepas virulentas y de vacunas. Estos métodos no solo han optimizado la vigilancia epidemiológica, sino que también han facilitado la respuesta rápida y dirigida ante brotes, reduciendo el riesgo de propagación y mitigando las pérdidas económicas asociadas.

Descriptores: Peste porcina clásica; métodos de diagnóstico; RT-PCR en tiempo real. (Fuente: DeCS).

ABSTRACT

Objective: to identify diagnostic methods for swine cholera virus. **Methods:** Documentary descriptive. **Conclusion:** Advances in pig cholera virus diagnostic methods have had a significant impact on the ability to manage and control this disease in the pig industry. The incorporation of advanced technologies, such as real-time RT-PCR, multiplex qRT-PCR and CRISPR/Cas13a, has greatly improved the accuracy and speed of virus detection, allowing effective differentiation between virulent and vaccine strains. These methods have not only optimised epidemiological surveillance, but have also facilitated rapid and targeted outbreak response, reducing the risk of spread and mitigating associated economic losses.

Descriptors: Classical swine fever; diagnostic techniques and procedures; real-time polymerase chain reaction. (Source: DeCS).

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

INTRODUCCIÓN

El cólera porcino, conocido también como peste porcina clásica (CSFV), es una enfermedad viral altamente contagiosa que afecta a la industria porcina a nivel mundial, generando importantes pérdidas económicas y desafíos en la salud animal. La detección temprana y precisa del virus es fundamental para la implementación de medidas de control efectivas y la prevención de la diseminación del virus en poblaciones susceptibles. Los métodos diagnósticos han evolucionado significativamente, aprovechando avances en la biotecnología y la biología molecular, lo que ha permitido mejorar tanto la sensibilidad como la especificidad de las pruebas diagnósticas.

La identificación del virus del cólera porcino no solo se basa en técnicas tradicionales como la serología y la PCR, sino que también incluye enfoques más avanzados como la qRT-PCR multiplex y tecnologías basadas en CRISPR, que permiten la diferenciación precisa entre cepas virulentas y vacunas. Estos métodos no solo son cruciales para el diagnóstico y control de brotes, sino también para la investigación y el desarrollo de nuevas estrategias de prevención, como las vacunas.

El objetivo de investigación es identificar los métodos diagnósticos del virus del cólera porcino.

MÉTODO

Descriptivo documental.

Se analizaron 15 artículos científicos publicados en PubMed.

Se aplicó la técnica de análisis documental.

RESULTADOS

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

Tabla 1.
Resumen analítico documental.

N	AUTORES	APORTE PRINCIPAL
1	Li X, Song Y, Wang X, et al.	Estudio sobre la regulación de la homeostasis celular y la inmunidad innata antiviral durante la infección por el virus de la peste porcina clásica (CSFV).
2	Zhu Z, Mao R, Liu B, et al.	Perfilado de célula única de la enfermedad del virus de la peste porcina africana en el bazo del cerdo, revelando la dinámica viral y del hospedador.
3	Hu Z, Tian X, Lai R, Ji C, Li X.	Investigación sobre la transmisión aérea de virus comunes en cerdos, incluyendo CSFV.
4	Fan S, Wu K, Zhao M, et al.	Inhibición de LDHB induce mitofagia y facilita la progresión de la infección por CSFV.
5	Guo X, Zhang M, Liu X, Zhang Y, Wang C, Guo Y.	Estudio sobre la adhesión, entrada y tráfico intracelular del CSFV.
6	Fan J, Liao Y, Zhang M, et al.	Estrategias anti-CSFV revisadas para el control de la infección.
7	Álvarez B, Revilla C, Poderoso T, Ezquerro A, Domínguez J.	Actualización sobre marcadores y poblaciones de macrófagos porcinos.
8	Zhang Y, Wang M, Sun Y, et al.	Detección rápida y diferencial del CSFV salvaje y vacunas derivadas del virus del cólera porcino mediante RT-PCR en tiempo real.
9	Zhao Y, Zhang T, Zhou C, et al.	Desarrollo de un sistema basado en RT-PCR para detectar deltacoronavirus porcino.
10	Pannhorst K, Carlson J, Höpfer JE, et al.	Investigación sobre la importancia de la proteína SLA-DM del complejo mayor de histocompatibilidad II en la replicación del virus de la peste porcina africana.
11	Xu Q, Ma F, Yang D, et al.	Producción de la glicoproteína E2 del CSFV en arroz con un diseño de dimerización para mejorar las respuestas inmunes.
12	Lamothe-Reyes Y, Figueroa M, Sánchez O.	Factores del hospedador involucrados en la entrada del CSFV en la célula.
13	Liu H, Shi K, Zhao J, et al.	Desarrollo de un ensayo qRT-PCR multiplex para la detección del virus de la peste porcina africana, CSFV y pestivirus porcino atípico.
14	Zhang Y, Li Q, Wang R, et al.	Diferenciación de cepas virulentas y de vacuna del CSFV mediante CRISPR/Cas13a.
15	Liu H, Shi K, Sun W, et al.	Desarrollo de un ensayo multiplex RT-PCR para la detección simultánea del virus de la peste porcina africana, CSFV y pestivirus porcino atípico.

Elaboración: Los autores.

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

La discusión sobre los métodos diagnósticos del virus del cólera porcino (CSFV) revela la importancia de la integración de tecnologías avanzadas en la detección y control de esta enfermedad. La regulación de la homeostasis celular y la inmunidad innata antiviral durante la infección por CSFV ha sido un área clave de investigación, destacando la complejidad de las interacciones entre el virus y el sistema inmunológico del hospedador¹. Estas interacciones subrayan la necesidad de desarrollar métodos diagnósticos que no solo detecten la presencia del virus, sino que también puedan evaluar la respuesta inmune del hospedador.

El uso de técnicas de perfilado de célula única en modelos animales ha permitido una mejor comprensión de la dinámica viral y del hospedador durante la infección por CSFV, lo que a su vez ha influido en el desarrollo de nuevas estrategias diagnósticas². La transmisión aérea de virus comunes en cerdos, incluido el CSFV, plantea un desafío adicional para la bioseguridad en las granjas, y resalta la necesidad de métodos de detección que puedan ser aplicados de manera rápida y eficiente en escenarios de brotes³.

La inhibición de enzimas específicas como LDHB, que induce mitofagia y facilita la progresión de la infección por CSFV, ha abierto nuevas vías para la investigación de marcadores diagnósticos que puedan ser utilizados para identificar infecciones en etapas tempranas⁴, los estudios sobre la adhesión, entrada y tráfico intracelular del CSFV han proporcionado una base sólida para el desarrollo de pruebas que se centren en las etapas críticas del ciclo de vida viral, mejorando así la precisión diagnóstica⁵.

Los avances en la detección molecular, como la implementación de la RT-PCR en tiempo real y la CRISPR/Cas13a, han revolucionado la capacidad de diferenciar entre cepas virulentas y vacunas del CSFV, lo que es esencial para la vigilancia epidemiológica y la respuesta a brotes^{8 9}. Estos métodos han demostrado ser altamente eficaces no solo en términos de sensibilidad, sino también en su capacidad para ser implementados en condiciones de campo, lo que es crucial para el control efectivo de la enfermedad.

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

El desarrollo de ensayos multiplex que permiten la detección simultánea de varios patógenos, incluyendo el CSFV, representa un avance significativo en la capacidad de respuesta rápida a brotes múltiples, optimizando así los recursos disponibles en las granjas y laboratorios veterinarios^{13 15}. La capacidad de estos ensayos para identificar múltiples infecciones en un solo análisis no solo mejora la eficiencia diagnóstica, sino que también proporciona una visión más completa del estado de salud de los animales.

CONCLUSIONES

Los avances en los métodos diagnósticos del virus del cólera porcino han tenido un impacto significativo en la capacidad para gestionar y controlar esta enfermedad en la industria porcina. La incorporación de tecnologías avanzadas, como la RT-PCR en tiempo real, la multiplex qRT-PCR y CRISPR/Cas13a, ha mejorado notablemente la precisión y la rapidez en la detección del virus, permitiendo una diferenciación efectiva entre cepas virulentas y de vacunas. Estos métodos no solo han optimizado la vigilancia epidemiológica, sino que también han facilitado la respuesta rápida y dirigida ante brotes, reduciendo el riesgo de propagación y mitigando las pérdidas económicas asociadas.

CONFLICTO DE INTERÉS

Los autores declaran que no tienen conflicto de interés en la publicación de este artículo.

FINANCIAMIENTO

Autofinanciado.

AGRADECIMIENTO

A todos los agentes sociales involucrados en el proceso investigativo.

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

REFERENCIAS

1. Li X, Song Y, Wang X, et al. The regulation of cell homeostasis and antiviral innate immunity by autophagy during classical swine fever virus infection. *Emerg Microbes Infect.* 2023;12(1):2164217. <http://dx.doi.org/10.1080/22221751.2022.2164217>
2. Zhu Z, Mao R, Liu B, et al. Single-cell profiling of African swine fever virus disease in the pig spleen reveals viral and host dynamics. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2024;121(10):e2312150121. <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.2312150121>
3. Hu Z, Tian X, Lai R, Ji C, Li X. Airborne transmission of common swine viruses. *Porcine Health Manag.* 2023;9(1):50. <http://dx.doi.org/10.1186/s40813-023-00346-6>
4. Fan S, Wu K, Zhao M, et al. LDHB inhibition induces mitophagy and facilitates the progression of CSFV infection. *Autophagy.* 2021;17(9):2305-2324. <http://dx.doi.org/10.1080/15548627.2020.1823123>
5. Guo X, Zhang M, Liu X, Zhang Y, Wang C, Guo Y. Attachment, Entry, and Intracellular Trafficking of Classical Swine Fever Virus. *Viruses.* 2023;15(9):1870. <http://dx.doi.org/10.3390/v15091870>
6. Fan J, Liao Y, Zhang M, et al. Anti-Classical Swine Fever Virus Strategies. *Microorganisms.* 2021;9(4):761. <http://dx.doi.org/10.3390/microorganisms9040761>
7. Álvarez B, Revilla C, Poderoso T, Ezquerro A, Domínguez J. Porcine Macrophage Markers and Populations: An Update. *Cells.* 2023;12(16):2103. <http://dx.doi.org/10.3390/cells12162103>
8. Zhang Y, Wang M, Sun Y, et al. Rapid Differential Detection of Wild-Type Classical Swine Fever Virus and Hog Cholera Lapinized Virus Vaccines by TaqMan MGB-Based Dual One-Step Real-Time RT-PCR. *Vet Sci.* 2024;11(7):289. <http://dx.doi.org/10.3390/vetsci11070289>
9. Zhao Y, Zhang T, Zhou C, et al. Development of an RT-PCR-based RspCas13d system to detect porcine deltacoronavirus. *Appl Microbiol Biotechnol.* 2023;107(18):5739-5747. <http://dx.doi.org/10.1007/s00253-023-12690-2>

Ingrith Abigail Quishpe-Yambay; Adriana Mercedes Solis-Bonilla; Gissela Esperanza Villa-Llundo; Mildre Mercedes Vidal-del-Río

10. Pannhorst K, Carlson J, Hölper JE, et al. The non-classical major histocompatibility complex II protein SLA-DM is crucial for African swine fever virus replication. *Sci Rep.* 2023;13(1):10342. <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-023-36788-9>
11. Xu Q, Ma F, Yang D, et al. Rice-produced classical swine fever virus glycoprotein E2 with herringbone-dimer design to enhance immune responses [published correction appears in *Plant Biotechnol J.* 2024 Jul;22(7):2076. <http://dx.doi.org/10.1111/pbi.14374>]. *Plant Biotechnol J.* 2023;21(12):2546-2559. <http://dx.doi.org/10.1111/pbi.14152>
12. Lamothe-Reyes Y, Figueroa M, Sánchez O. Host cell factors involved in classical swine fever virus entry. *Vet Res.* 2023;54(1):115. <http://dx.doi.org/10.1186/s13567-023-01238-x>
13. Liu H, Shi K, Zhao J, et al. Development of a one-step multiplex qRT-PCR assay for the detection of African swine fever virus, classical swine fever virus and atypical porcine pestivirus. *BMC Vet Res.* 2022;18(1):43. <http://dx.doi.org/10.1186/s12917-022-03144-4>
14. Zhang Y, Li Q, Wang R, et al. Differentiation of Classical Swine Fever Virus Virulent and Vaccine Strains by CRISPR/Cas13a. *Microbiol Spectr.* 2022;10(5):e0089122. <http://dx.doi.org/10.1128/spectrum.00891-22>
15. Liu H, Shi K, Sun W, et al. Development a multiplex RT-PCR assay for simultaneous detection of African swine fever virus, classical swine fever virus and atypical porcine pestivirus. *J Virol Methods.* 2021;287:114006. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jviromet.2020.114006>