

Medidas de Bioseguridad para prevenir y controlar la Peste Porcina Africana, conociendo el comportamiento viral

Biosecurity measures to be taken into account to prevent and control African Swine Fever, knowing the viral behavior

César A. Piscoya^{1*}, Fiorela A. Fernández², Lupe E. Graus², José L. Vílchez¹, Severino T. Torrel³, Magaly de L. Díaz¹

¹Departamento de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo
Calle Juan XXIII s/n Lambayeque -Perú.

*e-mail: cpiscoya@unprg.edu.pe¹

²Universidad Cesar Vallejos,
Carretera Pimentel Km. 3.5 Chiclayo

³Departamento de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional de Cajamarca

Resumen

Peste porcina africana, enfermedad muy contagiosa, de alta mortalidad hasta 100%, origina grandes pérdidas económicas e incremento del costo de la carcasa al disminuir la población de cerdos como sucedió en China. El objetivo fue proponer medidas de bioseguridad en el control de Peste Porcina Africana conociendo el comportamiento del genoma viral. El estudio se realizó mediante revisión de artículos científicos, considerando la estructura viral, modelos de propagación del virus de PPA en diferentes países, medidas de control empleada. Demostrándose, que parte de la estructura del virus está conformada hasta 200 proteína de las cuales 68 se conoce su estructura y 23 la función, muchas de ellas tienen carácter antigénico como la proteína p72 y otras proteínas que inhiben la acción de citocinas o MHC, impidiendo la formación de anticuerpos. Se debe practicar ciertas medidas, para evitar la transmisión de dicha enfermedad, tales como: emitir programas socioculturales

a los porcicultores, evaluación sanitaria de los productos importados, vigilancia pasiva y planificación de la caza de jabalíes, erradicación de garrapatas y moscas hematófagas, uso de desinfectantes específicos (Virkon's 30 g/litro) e inclusión de aceites esenciales en la alimentación de los cerdos.

Palabras clave: ADN, proteína viral, proteína p72, *Ornithodoros moubota*, insectos hematófagos

Abstract

African swine fever, a highly contagious disease, with a high mortality rate of up to 100%, causes great economic losses and an increase in the cost of the carcass as the pig population decreases, as happened in China. The objective was to propose biosecurity measures in the control of African Swine Fever knowing the behavior of the viral genome. The study was carried out by reviewing scientific articles, considering the viral structure, ASF virus spread models in different countries, and control

measures used. Proving that part of the virus structure is made up of 200 proteins, of which 68 its structure and 23 its function are known, many of them have antigenic character such as the p72 protein and other proteins that inhibit the action of cytokines or MHC, preventing the formation of antibodies. Certain measures must be practiced to prevent the transmission of this disease, such as: issuing sociocultural programs to pig farmers, health evaluation of imported products, passive surveillance and planning of wild boar hunting, eradication of ticks and blood-sucking flies, use of Specific disinfectants (Virkon's 30 g / liter) and inclusion of essential oils in the pig feed.

Key words: DNA, viral protein. p72 protein, *Ornithodoros moubota*, blood-sucking insects.

Introducción

Económicamente la peste porcina africana, origina variaciones significativas de precios en la carne de pollo, res y ovino, siendo muy variables en el tiempo, asimismo el costo de la carne de cerdo se incrementa, encareciendo a la carne de pollo, y manteniendo este valor por largo período (Li et al., 2021); además la población de cerdos tiende a disminuir, como en China que bajó a 33%, como consecuencia de esta enfermedad, afectando la economía del país por los subsidios a las granjas y consumidores (Liu, 2021).

La peste porcina africana (PPA), padecimiento altamente endémica que origina hemorragia con mortalidad variable pudiendo llegar al 100% de mortalidad (Magadla et al., 2016); el virus se encuentra dentro de la familia *Asfviridae*, la epidemiología de esta

enfermedad, en el sur de África, se relaciona con la etapa selvática entre los jabalíes comunes y garrapatas *Ornithodoros moubata*, por lo tanto no se puede erradicar, solamente controlar, teniendo en cuenta que el cerdo se infecta al interactuar con jabalíes (Penrith et al., 2019); la falta de vacunas y control son los obstáculos más importantes para prevenir esta enfermedad (Dixon, Sol y Roberts, 2019); además la capacidad del virus de ser viable en los tejidos y medio ambiente, como factores de contagio (Penrith et al., 2019).

La morfología del virus es icosaédrica simétrico con presencia de cápsula, de forma de hexágono, con un diámetro de 172 a 220 nm, codifica entre 150 a 200 proteínas, se aisló cepas del virus de PPA en garrapatas, teniendo en cuenta que estos insectos actúan como vectores, en la transmisión de la enfermedad (Gil et al., 2008); entre estas cepas tenemos OUR T88/ y NH / P68, al ser atenuada naturalmente produjeron entre 66% a 100% inmunidad frente a cepas virulentas (Oura et al., 2005); el genoma viral por acción del pH ácido del medio interno de la célula es liberado al citosol (Hernández et al., 2016); después de infectar macrófagos y monocitos por endocitosis y micropinocitosis, se produce la replicación y posteriormente el ensamblaje del virus de PPA en el Retículo endoplásmico, el ADN viral es envuelto por dos membranas vitales una lipídica interna y una cápside icosaédrica externa p72 (Andrés et al., 1998); existiendo otras proteínas como p49 y p17 que conforman esta estructura (Alejo et al., 2018).

Su estructura icosaédrica de 4.6 Å, la cápside tiene un diámetro de 241.6 nm, los capsómeros de la cápside formada por veinte estructuras triangulares

(trismetrones), doce pentagonales (pentasimetrones), alineadas en tres y cinco ejes respectivamente. Los capsómeros son de dos tipos: pseudohexaméricos (forma de pirámide) y pentaméricos (cuerpos cavernosos con vértices dilatados), y proteínas distribuidas en forma icosaédrica; la cápside tiene una proteína principal p72 que es una molécula doble jelly – roll (JR), se divide en tres, base N terminal, dominio del pliegue JR central y corona apical, todas sus partes tienen carga eléctrica positiva inclusive JR1 Y JR2 (Liu et al., 2019).

No existe vacunas para prevenir Peste Porcina Africana, existen tentativas para producirlas mediante cepas vivas atenuadas como la que se obtuvo de la variante ASFV - G – DI 177L, retirando el gen I177L del genoma Georgia (ASFV – G), resultando eficaz contra su propio genoma, no se produce a gran escala, porque el virus se puede replicar en cerdos macrófagos (Borca et al., 2021); asimismo existe problemas para distinguir los animales inmunizados de los enfermos, igualmente la fabricación de un biológico eficiente se ve afectada por la estructura compleja del virus, línea genética del virus, y especificación genética después de modificarlo (Turlewicz-Podbielska et al., 2021); vacunas que se utilizan en ensayos dan buenos resultados, pero existe problemas en el huésped al producir dos citocinas IL - 10 e INF – γ , siendo necesario una producción constante para originar inmunidad. Un elevado nivel de estos mediadores inmunitarios originó una baja en la producción de anticuerpos, siendo necesario que se produzcan constantemente, hecho que se observó en jabalíes al aplicar vacunas atenuada por vía oral (Lv17/WB/ Riei) (Barroso-Arévalo et al., 2021)

Se demostró también que esta infección viral, disminuyó la producción de IL -1 β e IFN, por falta de la expresión de ARNm de estas citocinas, acción que estuvo en relación directa a la carga viral, lo que originó inhibición de respuestas antivirales de las células huésped (Li et al., 2021); por otro lado el suministro de aceites esenciales (80 ml/ TM de alimento) a cerdos controló la transmisión de Peste porcina africana, al incrementar los anticuerpos, siendo los niveles de inmunoglobulinas (IgG) más altas y en comparación de IgM (Haig et al., 2021).

La transmisión se realiza mediante cerdos infectados, excreciones, consumo de desechos infectados y contacto con fómites contaminados (Dixon, Sol y Roberts, 2019); existen sospechas que insectos transmiten el virus de PPA, debido que en Lituania se presentó la enfermedad en los meses de Junio – agosto desde 2014 a 2019, época que proliferan insectos (Fila et al., 2020); asimismo se comprobó en cerdos que comieron moscas que chuparon la sangre de jabalíes enfermos con el virus de APP resultaron infectados (Olesen et al., 2018); encontrándose virus de PPA en moscas de la familia Calliphoridae, Muscidae, Fanniidae Tabanidae, Stratiomyidae y Sarcophagidae, en granjas que presentaron la enfermedad (Turčinavičienė et al., 2021).

En un brote de PPA en África los cerdos presentaron los siguientes signos clínicos: anorexia, letargo, ataxia, diarrea sanguinolenta, enrojecimiento de piel, cuello también orejas, equimosis cutáneas en piernas y abdomen; en el examen pos mortem se encontró congestión pulmonar ganglios linfáticos hemorrágicos en el cuello, músculos congestionados, enteritis asimismo

hemorragias equimóticas en la corteza renal (Amar et al., 2021).

En Vietnam se aisló un virus de Peste Porcina Africana de alta patogenicidad, originando un proceso hiperagudo a agudo, la detección temprana de este virus ayudaría a controlar su propagación, al inocular diez cerdos con esta cepa, muriendo entre 5 a 8 días de inoculados; los signos clínicos registrados fueron temperatura alta, el período de incubación fue de 3.7 días. Después de la incubación del virus se obtuvo en los diferentes tejidos y órganos, en un tiempo variado, así en sangre a los 2.2 días, recto 3.1 días, nasal 3.2 días y boca 3.6 días, indicándonos que el tiempo de transmisión es rápido (Lee et al., 2021).

Una de las formas de controlar la Peste Porcina Africana es mediante desinfección y disminución del personal de la granja, para reducir el riesgo de contagio de la enfermedad mediante los fómites (Zhang et al., 2021); el uso de desinfectantes como Virkon's, a dosis de 30 g por litro, a través de pediluvios en el momento que ingresan los vehículos que se trasladan de zonas de riesgo a zona limpias, sobre todo los cazadores de jabalíes (McCleary et al., 2021); la bioseguridad en las granjas porcinas es la clave para evitar la introducción de enfermedades, que consiste en evitar el ingreso de personas ajenas a la granja, cuando se movilizan personas es necesario cumplir con ciertos protocolos para su retorno a granja, consistente en aislamiento de una semana antes de entrar en contacto con los cerdos. (Nespeca et al., 1997).

Una de las medidas de seguridad en los países que no presenta Peste Porcina Africana, es el manejo de residuos alimenticios provenientes del personal

que viajó en avión, siendo una medida drástica la cocción de dichos alimentos antes de ser consumidos por los cerdos; la movilización del personal que proviene de países endémicos a esta enfermedad debe entrar en cuarentena. Falta la parte sociocultural en los pequeños porcicultores, debido que benefician cerdos con síntomas de PPA, para el aprovechamiento de la carne y la contaminación de aguas residuales dado que el virus sobrevive a la humedad y putrefacción como ocurrió en Uganda (Chenais et al., 2017); también la alimentación con desechos, es una vía para transmitir la enfermedad, especialmente en la crianza traspatio y al aire libre por falta de conocimiento sobre PPA, además contacto con jabalíes; asimismo evitar la importación de carne de cerdos refrigerada, ahumada y salada, debido que el virus sobrevive hasta seis meses (Bellini et al., 2021; Penrith et al., (2019).

Es necesario que los extensionistas realicen labores socioculturales en los agricultores sobre la crianza de cerdos y apoyo económico para mejorar la producción (Joseph et al., 2015); existe un marco global para controlar gradualmente enfermedades transfronterizas de potencial zoonótico, por lo tanto países que importan animales solamente con evaluación sanitaria; ya que se aisló el virus en la zona pelúcida de los embriones porcinos (FAO, 2021; Singh et al., 1984).

En Estonia una de las formas de controlar PPA es mediante la caza de jabalíes, pero se realiza una vigilancia pasiva (Urner et al., 2020); Rumanía fue afectada hace dos años (2018 y 2019) por PPA, confirmándose 3,000 casos entre cerdos domésticos y jabalíes, en dos fases epidémicas, promovidos por la acción humana, población que vive

rezagada (crianza traspatio) asimismo peculiaridades ambientales (bosque, ríos y humedad) (Andraud et al., 2021).

La prevalencia del virus de PPA en Lituania en jabalíes cazados fue superior al 1% en el año 2016; 4% entre 2017 y 2018; 3.1% en el año 2019, además se encontró un positivo en el 2021 y la cantidad de muertos fue 80% (2016); incrementándose en 2017 a 2018; 70% en 2019; 2020 no se encontró ningún muerto; 100% de prevalencia en el 2021 (Schulz et al., 2021). El virus p72 genotipo I aislado en 1958 en Lisboa y en 1961 en Portugal irradiándose posteriormente a Europa y América Latina, el genotipo II p72, apareció en Georgia, las características de este genotipo II, conformado por cuatro regiones codificadoras de proteína: B646L, E183L, CP204L Y ORF B602L, fue aislado en dos regiones de la ciudad de Georgia, siendo idénticos los virus de ambas lugares, al compararlos con virus del mundo, se demostró que fue otra cepa (Rowlands et al., 2008).

Este virus se propago rápidamente a Rusia, China, Asia, Alemania, siendo el más diseminado de los veinte y cuatro genotipos identificados actualmente, siendo el causante de la pandemia en África, existiendo similitud entre los virus de Georgia, Tanzania, Polonia (2017), China (2018), introduciéndose este virus de Georgia, más no Tanzania por ser de genotipo diferente K177R en Rukwa (2017) (Njau et al., 2021); también se aisló el virus Uvira B53, conformado por 180 a 916 pb de longitud, 168 marcos de lectura abierta (ORF), siendo semejante en 98.8% con el genotipo X de Kenia 1950, siendo similares en 168 nucleótidos que codifican ORF los otros 38 fueron diferentes (Bisimwa et al., 2021); la totalidad de virus aislados en Cerdeña –

Italia en 1978, corresponden al genotipo I de p72, posteriormente han evolucionado desde 1978 a 2012 identificados como 47/Ss/ 2008 y 26544/OG10 de doce genomas analizados, sin esclarecer la acción biológica por estos cambios (Torresi et al., 2020), también se aisló el virus de PPA (VNUA – ASFV -05L1/HaNam) en los macrófagos de alveolos pulmonares de cerdos, en Vietnam año 2020 (Truong et al., 2021).

Los 23 genotipos de p72 aislados de garrapatas de jabalíes, de 36 virus agrupados en linajes: linaje I relacionados con virus de África central como meridional; linaje África oriental y linaje III grandes lagos de África oriental y central (Quembo et al., 2018); uno de los puntos importantes para controlar la peste porcina africana son las vacunas, pero la gran cantidad de proteínas que produce este virus bloquea a las proteínas presentadoras de antígeno, inhibiendo la inmunidad (Arias et al., 2017); entre estas proteínas virales que no permiten la inmunidad del huésped son NFkB, NFAT A 238L, el inhibidor de la apoptosis A224L y el presentador MHC – I EP153R y el IFN (Gallardo et al., 2018); al fabricar una proteína para duplicar N- terminal del virus ASFV p54, luego se enfrentó a sueros que provenían de cerdos enfermos y la proteína reconoció los epítomos de las células B (Wang et al., 2021).

Se conoce poco de los genes de virulencia, el espectro de huéspedes e interacción virus – vector huésped asimismo comprender las proteínas virales y su expresión (Blome et al., 2020); actualmente con la ayuda de utensilios proteómicos se está comprendiendo la estructura y acción de proteínas virales (Karger et al., 2019); mediante inmunoelectrónica se

identificaron 68 proteínas de las cuales 23 no se determinó la función (Alejo et al., 2018).

La peste porcina africana carece de potencial zoonótico, el virus se replica fácilmente en distintos huéspedes en condiciones silvestres, climáticos como en los sistemas de producción (Dixon et al., 2020); no existen correcciones de prueba eficiente por la ADN polimerasa para escindir las bases codificadas por el virus, además no existe recombinación con otros virus que afectan a los cerdos (Jori y Bastos 2009).

En Europa se recomienda controlar mediante vigilancia pasiva para de PPA y erradicación del virus del medio natural donde se presentó la enfermedad, principalmente en etapas iniciales, disminuir las garrapatas, además la caza de jabalíes debe ser planificada (Miroslaw et al., 2021).

Para la inmunidad de los cerdos contra PPA, es necesario los linfocitos citotóxicos CD8 (Oura et al., 2005) in vitro IFN – γ realiza una protección cruzada contra PPA originada por diferente cepas virales (Arguilaguet et al., 2012); en Nigeria se aisló el virus del genotipo I, se diagnosticó mediante el aislamiento de la glicoproteína VP72, codificada por 278 pb, las muestras se obtuvieron, de ganglios linfáticos que presentaron hemorragias, también en hígado y riñones que presentaron trombocitopenia, existiendo una evolución del virus en este lugar, el no reporte de la enfermedad conlleva a una vigilancia epidemiológica, con la finalidad de identificar otras cepas (Tizhe et al., 2021).

El virus p72 fue aislado en muestras de huesos tubulares que presentaron medula ósea, y la conservación del virus en huesos sin medula sobrevivieron 2

años, siendo el virus muy sensible a la temperatura del medio, estas muestras provenían de casos muy agudo de la enfermedad (Hranush et al ., 2021).

La estructura p15 de conformación terciaria, cadenas de proteína unidas por puente de disulfuro e interacciones mediante puentes de H, conforman la poliproteína pp62, el conocimiento de esta estructura nos permite a la fabricación de vacunas (Liu et al., 2021).

El objetivo del presente estudio fue evaluar el comportamiento del virus de PPA y las medidas de bioseguridad a emplear en el control de dicha enfermedad.

Metodología

Investigación de enfoque cualitativo y diseño descriptivo en el cual se realizó la revisión minuciosa de artículos científicos como Scopus, relacionados con el comportamiento viral del virus de Peste Porcina Africana y las medidas de control de Peste Porcina Africana empleada en diferentes lugares, tomándolos como herramienta informática de tal manera que después de realizar un análisis sistemático centrando en el comportamiento viral, se puedan establecer medidas de bioseguridad para poder prevenir y controlar la enfermedad

Resultados

En la tabla 1, se presentan los diferentes Genotipos virales encontrados en el mundo y en la tabla 2, se exponen los actos de riesgo y las medidas para controlar la Peste Porcina Africana sugeridas por los diferentes investigadores.

Tabla 1. Principales Genotipos virales de Peste Porcina Africana en el mundo

| Lugar | Año | Genotipo | Referencias |
|-------------------------|------|-----------------|-------------------------|
| Kenia | 1950 | Genotipo X | (Bisimwa et al., 2021) |
| Lisboa | 1958 | Genotipo I p72 | |
| Portugal | 1961 | Genotipo II p72 | |
| Europa y América Latina | 1961 | Genotipo II p72 | (Rowlands et al., 2008) |
| Rusia, China y Alemania | 1961 | Genotipo II p72 | (Njau et al., 2021) |
| Italia | 1978 | Genotipo I p72 | (Torresi et al., 2020) |
| África | 2017 | Genotipo II p72 | (Njau et al., 2021) |
| China | 2018 | Genotipo II p72 | (Njau et al., 2021) |
| Nigeria | 2021 | Genotipo I p72 | (Tizhe et al., 2021) |

Tabla 2 Medidas de Bioseguridad para el control de Peste Porcina Africana

| <i>Actos de Riesgo</i> | <i>Medidas de Control</i> | <i>Referencias</i> |
|---|--|--|
| Crianza Traspatio y beneficio clandestino de cerdos | Labores Socioculturales | (Joseph et al., 2015) |
| Importación de animales, carne, embutidos y embriones | Evaluación Sanitaria | (FAO, 2021; Singh et al., 1984). |
| Caza de jabalíes | Vigilancia pasiva y Planificación de la caza | (Urner et al., 2020; Mirosław et al., 2021) |
| Destino de los cerdos infectados; consumo de desechos infectado; fómites contaminados | Labores Socioculturales | (Dixon, Sol y Roberts, 2019) |
| Garrapatas y moscas hematófagas | Control de parásitos externos | (Orecen et al., 2018; Turčinavičienė et al., 2021) |
| Nutrición de cerdos | Suministro de aceites esenciales en el alimento (80 ml/TM) | (Haig et al., 2021). |
| Acción Humana | Migración de personas | (Mirosław et al., 2021) |

Discusión

En la tabla 1 se muestran los diferentes genotipos del virus de PPA, se caracteriza por tener una estructura muy importante, presentando en su genoma genes que codifican entre 150 a 200 proteínas (Gil et al., 2008), estas proteínas tienen actividad antigénica, que le dan un genotipo específico como la cepa viral OUR T88/ y NH / P68, al ser atenuada naturalmente produjo entre 66% a 100% inmunidad frente a cepas muy patógenas (Oura et al., 2005); asimismo al replicarse el virus se ensambla y su genoma es envuelto, por una capa lipídica interna y otra externa proteica p72, p75 y p17 (Andrés et al., 1998; Alejo et al., 2018); esta proteína p72 se encuentra dividida en tres partes; N terminal, pliegue JR central y apical, cada una tiene carga eléctrica positiva (Liu et al., 2019), permitiéndole interactuar con el genoma de la célula huésped.

Existen varias cepas como el genotipo II p72 aislado en Lisboa y 1961 en Portugal, diferenciándose de la cepa de Georgia por tener cuatro regiones codificadoras de proteína, permitiendo reconocer las variantes que se siguen proliferando, al retirar el gen I177L del genoma Georgia (ASFV – G), siendo eficaz contra su propio genoma, existiendo inconveniente en la preparación de la vacuna, de ahí que no se produce a gran escala, porque el virus se pudo replicarse en cerdos macrófagos (Borca et al., 2021); es importante conocer sobre replicación viral, donde la enzima ADN polimerasa no realiza correcciones de prueba para eliminar los nucleótidos que no corresponden a la cadena en formación, dando lugar a muchas variantes víricas, asimismo hay recombinación con otros genomas

virales que afectan a los cerdos (Jori y Bastos 2009)

El virus p72 genotipo I aislado en 1958 en Lisboa y en 1961 en Portugal irradiándose posteriormente a Europa y América Latina, el genotipo II p72, apareció en Georgia, las características de este genotipo II, conformado por cuatro regiones codificadoras de proteína: B646L, E183L, CP204L Y ORF B602L, aislado en dos regiones de la ciudad de Georgia, siendo idénticos los virus de ambos lugares, al compararlos con virus del mundo, se demostró que fue otra cepa (Rowlands et al., 2008).

Es de gran importancia conocer las funciones de las proteínas del virus de PPA (Karger et al., 2019), de las cuales fueron identificadas 68 y solamente se pudo determinar la función de 23 (Alejo et al., 2018); mediante este estudio permitirá la obtención de la vacuna, asimismo se determinó la estructura de la proteína p72 conformada por cadenas de proteínas, como poliproteínas pp62 enlazadas por puentes de disulfuro e hidrógeno (Liu et al., 2021); debe tenerse en cuenta que el ambiente juega un papel importante en la sobrevivencia del virus, debido al aislamiento del virus p72 en huesos tubulares que contenían médula ósea y sobrevivieron por dos años en huesos sin médula (Hranush et al., 2021);

La presencia de 23 genotipos de p72 obtenidos en garrapatas provenientes de jabalíes, fueron aislados de 36 virus de cepas de África central, meridional y cepa III de África central y meridional (Quembo et al., 2018), la cadena epidemiológica en este continente se relaciona con la presencia de jabalíes y garrapatas *Ornithodoros moubata* (Penrith et al., 2019); en Lituania hubo

gran prevalencia de PPA de un 80% en el 2016 que luego se incrementó a un 100% en el 2021 (Schulz et al., 2021); el virus p72 fue aislado en Portugal, Lisboa y América Latina y el genotipo II p72 se aisló en dos regiones de Giorgio, cepa diferente a las del mundo (Rowlands et al., 2008); virus que se propaga rápidamente por Rusia, China Asia y Alemania, pero el virus de Tanzania fue diferente (K177R en Rukwa 2017) (Njau et al., 2021); también se aisló el virus Uvira B53 similar al virus de Kenia en 98.8%, la similitud fue 168 nucleótidos que codifican ORF (Bisimwa et al., 2021); en Nigeria se aisló el virus genotipo I, identificado mediante p72 codificado por 278 pb (Tizhe et al., 2021).

La inmunidad del huésped es afectada por la producción de proteínas virales, NFkB, NFAT A 238L, MHC – IEP153R y IFN Gallardo et al., 2018); impidiendo la capacidad inmunológica de las vacunas (Dixon, Sol y Roberts, 2019).

Las medidas de control se exponen en la tabla 2, necesarias para evitar la transmisión de la enfermedad, como el uso de desinfectantes correctos; evitar el beneficio cerdos que presentan síntomas de PPA, siendo necesarios la educación sociocultural; y permitir el conocimiento de las características culturales del virus como, resistente a la putrefacción, permanece latente en las heces, humedad y por años en los cadáveres; además erradicación vectores que almacenan el virus, garrapatas del genero *Ornithodoros moubata*, moscas hematófagas (Chenais et al., 2017; Bellini et al., 2021; Penrith et al., 2019; Orecen et al., 2018; Turčinavičienė et al., 2021)

Se debe tener en cuenta que el virus permanece mucho tiempo en el ambiente, siendo favorecido por la humedad, y la presencia de esqueletos de cerdos que han muerto a consecuencia de APP, demostrándose la presencia del virus en la médula ósea en huesos largos; otros factores importantes de tener en cuenta para el control de PPA: bioseguridad, educación sociocultural y evitar la migración de personas.

Conclusión

El genoma del virus de APP codifica hasta 200 proteínas muchas de las cuales se identificaron 68 y se determinó la función de 23 de las cuales tienen actividad antigénica como la acción de la proteína p72 codificada por 278 pb, y le dan una característica propia para agruparlos en linajes y genotipos virales, siendo los más frecuentes los del genotipo I y II con proteínas similares p72 que tienen carácter antigénico específico.

Los actos que realizan las personas, predisponen a contagiarse de Peste Porcina Africana como son: crianza traspatio, beneficio de cerdos en forma clandestina, importación de animales, carnes y embutidos sin control sanitario, contacto con fómites contaminados, caza de jabalíes, falta de conocimiento en nutrición de los cerdos, presencia de garrapatas y moscas hematófagas en las granjas y hábitat de los jabalíes asimismo migración de personas.

Las medidas para controlar la transmisión de Peste Porcina Africana que se deben practicar, labores socioculturales a los porcicultores, evaluación sanitaria de los productos importados, vigilancia pasiva y planificación de la caza de jabalíes, erradicación de garrapatas y moscas hematófagas, uso de desinfectantes

específicos (Virkon's 30 g/litro) e inclusión de aceites esenciales en la alimentación de los cerdos (aumenta la Ig G).

Referencias

1. Alejo, T., Matamoros, M., Guerra, G. (2018). *Un atlas proteómico de la peste porcina africana ...* - Google Académico. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=A%20proteomic%20Atlas%20of%20the%20African%20swine%20fever%20virus%20particle&publication_year=2018&author=A.%20Alejo&author=T.%20Matamoros&author=M.%20Guerra&author=G.%20Andr%C3%A9s
2. Amar, S., De Boni, L., de Voux, A., Heath, L., & Geertsma, P. (2021). An outbreak of African swine fever in small-scale pigs, Gauteng, South Africa. *International Journal of Infectious Diseases*. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2021.04.003>
3. Andraud, M., Bougeard, S., Chesnoiu, T., & Rose, N. (2021). Spatiotemporal clustering and Random Forest models to identify risk factors of African swine fever outbreak in Romania in 2018–2019. *Scientific Reports*, *11*(1), 2098. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-81329-x>
4. Andrés, G., García-Escudero, R., Simón-Mateo, C., Viñuela, E. (1998). *African swine fever virus is enveloped by a two-membraned collapsed cisterna derived from the endoplasmic reticulum*. <https://doi.org/10.1128/jvi.72.11.898-9001.1998>
5. Arguilaguét, J., Pérez - Martín, E., Nofrarias M., y Gallardo, D. (2012). *Argilaguét: La vacunación con ADN protege parcialmente contra ...* - Google Académico. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=DNA+vaccination+partially+protects+against+African+swine+fever+virus+lethal+challenge+in+the+absence+of+antibodies&author=Arguilaguét,+J.M.&author=P%C3%A9rez-Mart%C3%ADn,+E.&author=Nofrarias,+M.&author=Gallardo,+D.&author=Accensi,+F.&author=Lacasta,+A.&author=Mora,+M.&author=Ballester,+M.&author=Galindo-Cardiel,+I.&author=L%C3%B3pez-Soria,+S.&publication_year=2012&journal=PLoS+ONE&volume=7&pages=e40942&doi=10.1371/journal.pone.0040942&pmid=23049728
6. Arias, M., De la Torre, A., Dixon, L., Gallardo, C., Jori, F., Laddomada, A., Martins, C., Parkhouse, R. M., Revilla, Y., Rodríguez, F., & Sanchez-Vizcaino, J.-M. (2017). Approaches and perspectives for development of African swine fever virus vaccines. *Vaccines*, *5*(4). Scopus. <https://doi.org/10.3390/vaccines5040035>
7. Barroso-Arévalo, S., Barasona, J., Cadenas-Fernández, E., & Sánchez-Vizcaíno, J. (2021). The role of interleukine-10 and interferon- γ as potential markers of the evolution of african swine fever virus infection in wild boar. *Pathogens*, *10*(6). Scopus. <https://doi.org/10.3390/pathogens10060757>
8. Bellini, S., Casadei, G., De Lorenzi, G., & Tamba, M. (2021). A Review of Risk Factors of African Swine Fever

- Incursion in Pig Farming within the European Union Scenario. *Pathogens*, 10(1), 84. <https://doi.org/10.3390/pathogens10010084>
9. Bisimwa, P. N., Ongus, J., Steinaa, L., Bisimwa, E., Bochere, E., Machuka, E., Entfellner, J., Okoth, E., & Pelle, R. (2021). The first complete genome sequence of the African swine fever virus genotype X and serogroup 7 isolated in domestic pigs from the Democratic Republic of Congo. *Virology Journal*, 18(1), 23. <https://doi.org/10.1186/s12985-021-01497-0>
10. Blome, S., Franzke, K., & Beer, M. (2020). African swine fever – A review of current knowledge. *Virus Research*, 287. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198099>
11. Borca, M, Rai, A., Ramirez-Medina, E., Silva, E., Velazquez-Salinas, L., Vuono, E., Pruitt, S., Espinoza, N., & Gladue, D. (2021). A cell culture-adapted vaccine virus against the current african swine fever virus pandemic strain. *Journal of Virology*, 95(14). Scopus. <https://doi.org/10.1128/JVI.00123-21>
12. Chenais, E., Sternberg-Lewerin, S., Boqvist, S., Liu, L., LeBlanc, N., Aliro, T., Masembe, C., & Ståhl, K. (2017). African swine fever outbreak on a medium-sized farm in Uganda: Biosecurity breaches and within-farm virus contamination. *Tropical Animal Health and Production*, 49(2), 337-346. <https://doi.org/10.1007/s11250-016-1197-0>
13. Dixon, L., Sol, H., & Roberts, H. (2019). *African swine fever*. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2019.02.018>
14. Dixon, L., Stahl, K., Jori, F., Vial, L., Pfeiffer, D. (2020). *Epidemiología y control de la peste porcina africana*. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021419-083741>
15. FAO. (2021). *FAO. Global Framework for the Progressive Control of Transboundary Animal Diseases (GF-TADs)*. Rome: FAO. <http://www.gf-tads.org/about/en/>
16. Fila, M., & Wozniakowski, G. (2020). *Virus de la peste porcina africana: El posible papel de las moscas y otros insectos en la transmisión del virus*. <http://cel.webofknowledge.com/InboundService.do?app=wos&product=CEL&Func=Frame&SrcApp=literatum&SrcAuth=atyponcel&locale=en-US&SID=8B74A3mMba4hPnrZmM2&customersID=atyponcel&smartRedirect=yes&mode=FullRecord&IsProductCode=Yes&Init=Yes&action=retrieve&UT=WOS%3A000522624700001>
17. Gallardo, C., Sánchez, E., Pérez-Núñez D., Nogal, M., De León, P., Carrascosa, Á., Nieto, R., Soler A., Arias, M., Revilla, Y. (2018). *African swine fever virus (ASFV) protection mediated by NH/P68 and NH/P68 recombinant live-attenuated viruses / Signed in*. <https://www.scopus.com/record/display.uri?eid=2-s2.0-85044521538&origin=inward&txGid=c402419cd05e572e6729819046b3bb1d>
18. Gil, S., Sepúlveda, N., Albina, E., Leitão, A., & Martins, C. (2008). The low-virulent African swine fever virus (ASFV/NH/P68) induces

- enhanced expression and production of relevant regulatory cytokines (IFN α , TNF α and IL12p40) on porcine macrophages in comparison to the highly virulent ASFV/L60. *Archives of Virology*, 153(10), 1845-1854. <https://doi.org/10.1007/s00705-008-0196-5>
19. Haig Yousef, B., Rajeev Kumar, J., Quang Lam, T., Lan, Thi., Yusef, B., Hoa Thi N., Thanh, T., y Ali Agus. (2021). *Formulación novedosa con aceites esenciales como agente potencial para minimizar la transmisión del virus de la peste porcina africana en un ensayo in vivo en cerdos*. <http://www.veterinaryworld.org/Vol.14/July-2021/19.html>
 20. Hernáez, B., Guerra, M., Salas, ML., & Andrés, G. (2016). *African Swine Fever Virus Undergoes Outer Envelope Disruption, Capsid Disassembly and Inner Envelope Fusion before Core Release from Multivesicular Endosomes*. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005595>
 21. Hranush, A., Sona, H., Hranush, A., Roza, I., Narek N., y Zaven, K. (2021). *Posibilidad de supervivencia a largo plazo del virus de la peste porcina africana en condiciones naturales*. <http://www.veterinaryworld.org/14/April-2021/6.html>
 22. Jori, F., & Bastos, A. (2009). *Papel de los suidos silvestres en la epidemiología de la peste porcina africana*. <https://doi.org/10.1007/s10393-009-0248-7>
 23. Joseph, C., Umeh, Ch., & Adejo, M. (2015). *Análisis de la eficiencia técnica de la producción porcina: Un aumento sostenible de proteínas animales para los nigerianos* *Revista de tecnologías agrícolas avanzadas*. 2,(1) <http://www.joaat.com/index.php?m=content&c=index&a=show&catid=35&id=66>
 24. Karger A., D Pérez-Núñez, J., & Urquiza, P. (2019). *Karger: An update on African swine fever virology—Google Académico*. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=An%20update%20on%20African%20swine%20fever%20virology&publication_year=2019&author=A.%20Karger&author=D.%20Perez-Nunez&author=J.%20Urquiza&author=P.%20Hinojar&author=C.%20Alonso&author=F.B.%20Freitas&author=Y.%20Revilla&author=M.F.%20Le%20Potier&author=M.%20Montoya
 25. Lee, H., Bui, V., Dao, D., Bui, N. A., Le, T., Kieu, M., Nguyen, Q., Tran, L. H., Roh, J., So, K., Hur, T., & Oh, S. (2021). Pathogenicity of an African swine fever virus strain isolated in Vietnam and alternative diagnostic specimens for early detection of viral infection. *Porcine Health Management*, 7(1). Scopus. <https://doi.org/10.1186/s40813-021-00215-0>
 26. Li, H., Hu, C., Lü, Z., Li, M., & Guo, X. (2021). African swine fever and meat prices fluctuation: An empirical study in China based on TVP-VAR model. *Journal of Integrative Agriculture*, 20(8), 2289-2301. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63307-X](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63307-X)
 27. Li, J., Song, J., Kang, L., Huang, L., Zhou, S., Hu, L., Zheng, J., Li, C.,

- Zhang, X., He, X., Zhao, D., Bu, Z., & Weng, C. (2021). PMGF505-7R determines pathogenicity of African swine fever virus infection by inhibiting IL-1 β and type I IFN production. *PLOS Pathogens*, 17(7), e1009733. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009733>
28. Liu, H. (2021). Finding the way out to African swine fever: Analysis of Chinese government's subsidy programs to farms and consumers. *Computers and Industrial Engineering*, 160. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.cie.2021.107543>
29. Liu, K., Meng, Y., Chai, Y., Li, L., Sun, H., Gao, G., Tan, S., & Qi, J. (2021). Crystal structure of the African swine fever virus core shell protein p15. *Biosafety and Health*, 3(2), 116-123. <https://doi.org/10.1016/j.bsheal.2020.09.002>
30. Liu, S., Luo, Y., Wang, Y., Li, S., Zhao, Z., Bi, Y., Sun, J., Peng, R., Song, H., Zhu, D., Sun, Y., Li, S., Zhang, L., Wang, W., Sun, Y., Qi, J., Yan, J., Shi, Y., Zhang, X., ... Gao, G. (2019). Cryo-EM Structure of the African Swine Fever Virus. *Cell Host & Microbe*, 26(6), 836-843.e3. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2019.11.004>
31. Magadla, N. R., Vosloo, W., Heath, L., & Gummow, B. (2016). The African swine fever control zone in South Africa and its current relevance. *Onderstepoort Journal of Veterinary Research*, 83(1), 7. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v83i1.1034>
32. McCleary, S., McCarthy, R., Strong, R., Edwards, J., & Croke, H. (2021). Inactivation of African Swine Fever Virus by reagents commonly used in containment laboratories. *Journal of Virological Methods*, 295, 114203. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114203>
33. Mirosław, W., Bartłomiej, P., Krzysztof, N., Lukasz, B., Krzysztof, J., Bogdan, K. (2021). *Vigilancia pasiva de la peste porcina africana (PPA) en jabalíes como herramienta eficaz para la prevención, el control y la erradicación de la peste porcina africana: Un nuevo enfoque*. <http://www.medycynawet.edu.pl/archives/423/6518-summary-medweter-77-04-65146-2022>
34. Nespeca, R., Vaillancourt, J., & Morrow, W. (1997). Validation of a poultry biosecurity survey. *Preventive Veterinary Medicine*, 31(1), 73-86. [https://doi.org/10.1016/S0167-5877\(96\)01122-1](https://doi.org/10.1016/S0167-5877(96)01122-1)
35. Njau, E., Domelevo, E., Machuka, E., Bochere, E., Cleaveland, S., Shirima, G., Kusiluka, L., Upton, C., Bishop, R., Pelle, R., & Okoth, E. (2021). The first genotype II African swine fever virus isolated in Africa provides insight into the current Eurasian pandemic. *Scientific Reports*, 11(1), 13081. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92593-2>
36. Olesen, A., Lohse, L., Hansen, M., Boklund, A., Halasa, T., Belsham, G., Rasmussen, T., Botner, A., & Bodker, R. (2018). *Infeción de cerdos por el virus de la peste porcina africana por ingestión de moscas de los establos (Stomoxys calcitrans)* Web of Science

- 5(32). *Registro completo de la colección principal de Web of Science*.
<http://cel.webofknowledge.com/InboundService.do?app=wos&product=C&EL&Func=Frame&SrcApp=literatum&SrcAuth=atyponcel&locale=en-US&SID=7CTO7ELo3qZLmDjDr3U&customersID=atyponcel&smartRedirect=yes&mode=FullRecord&IsProductCode=Yes&Init=Yes&action=retrieve&UT=WOS%3A000445742800004>
37. Oura, C., Denyer, M., Takamatsu, H., & Parkhouse, R., (2005). *In vivo depletion of CD8⁺ T lymphocytes abrogates protective immunity to African swine fever virus*. <https://doi.org/10.1099/vir.0.81038-0>
38. Penrith, M., Bastos, A., Etter, E., Beltrán-Alcrudo, D. (2019). *of African swine fever in Africa today: Sylvatic cycle versus socio-economic imperatives*. <https://doi.org/10.1111/tbed.13117>
39. Quembo, C., Jori, F., Vosloo, W., & Heath, L. (2018). Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(2), 420-431. <https://doi.org/10.1111/tbed.12700>
40. Rowlands, R., Michaud, V., Heath, L., Hutchings, G., Oura, C., Vosloo, W., Dwarka, R., Onashvili, T., Albina, E., & Dixon, L. (2008). *African Swine Fever Virus Isolate, Georgia, 2007. Emerging Infectious Diseases journal—CDC*. 14(12). <https://doi.org/10.3201/eid1412.080591>
41. Schulz, K., Masiulis, M., Staubach, C., Malakauskas, A., Pridotkas, G., Conraths, F., & Sauter-Louis, C. (2021). African Swine Fever and Its Epidemiological Course in Lithuanian Wild Boar. *Viruses*, 13(7), 1276. <https://doi.org/10.3390/v13071276>
42. Singh, E., Dulac, G., & Hare, W. (1984). Embryo transfer as a means of controlling the transmission of viral infections. V. the in vitro exposure of zona pellucida-intact porcine embryos to African swine fever virus. *Theriogenology*, 22(6), 693-700. Scopus. [https://doi.org/10.1016/0093-691X\(84\)90499-0](https://doi.org/10.1016/0093-691X(84)90499-0)
43. Tizhe, E., Luka, P., Adedeji, A., Tanko, P., Gurumyen, G., Buba, D., Tizhe, U., Bitrus, A., Oragwa, A., Shaibu, S., Unanam, E., Igbokwe, I., Akpavie, S., & Njoku, C. (2021). Laboratory diagnosis of a new outbreak of acute African swine fever in smallholder pig farms in Jos, Nigeria. *Veterinary Medicine and Science*, 7(3), 705-713. <https://doi.org/10.1002/vms3.403>
44. Torresi, C., Fiori, M., Bertolotti, L., Floris, M., Colitti, B., Giammarioli, M., Giudici, S., Oggiano, A., Malmberg, M., Mia, G., Belák, S., & Granberg, F. (2020). The evolution of African swine fever virus in Sardinia (1978–2014) as revealed by whole-genome sequencing and comparative analysis. *Transboundary and Emerging Diseases*, 67(5), 1971-1980. <https://doi.org/10.1111/tbed.13540>
45. Truong, Q., Nguyen, T., Nguyen, T., Shi, J., Vu, H., Lai, T., & Nguyen, V. (2021). Genome sequence of a

- virulent African swine fever virus isolated in 2020 from a domestic pig in Northern Vietnam. *Microbiology Resource Announcements*, 10(19). Scopus. <https://doi.org/10.1128/MRA.00193-21>
46. Turčinavičienė, J., Petrašiūnas, A., Bernotienė, R., Masiulis, M., & Jonušaitis, V. (2021). The contribution of insects to African swine fever virus dispersal: Data from domestic pig farms in Lithuania. *Medical and Veterinary Entomology*, 35(3), 484-489. <https://doi.org/10.1111/mve.12499>
47. Turlewicz-Podbielska, H., Kuriga, A., Niemyjski, R., Tarasiuk, G., & Pomorska-Mól, M. (2021). African Swine Fever Virus as a Difficult Opponent in the Fight for a Vaccine—Current Data. *Viruses*, 13(7), 1212. <https://doi.org/10.3390/v13071212>
48. Urner, N., Mõtus, K., Nurmoja, I., Schulz, J., Sauter-Louis, C., Staubach, C., Conraths, F. J., & Schulz, K. (2020). Hunters' Acceptance of Measures against African Swine Fever in Wild Boar in Estonia. *Preventive Veterinary Medicine*, 182. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2020.105121>
49. Wang, A., Jiang, M., Liu, H., Liu, Y., Zhou, J., Chen, Y., Ding, P., Wang, Y., Pang, W., Q., & Zhang, G. (2021). Development and characterization of monoclonal antibodies against the N-terminal domain of African swine fever virus structural protein, p54. *International Journal of Biological Macromolecules*, 180, 203-211. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2021.03.059>
50. Zhang, X., Rong, X., Li, J., Fan, M., Wang, Y., Sun, X., Huang, B., & Zhu, H. (2021). Modeling the outbreak and control of African swine fever virus in large-scale pig farms. *Journal of Theoretical Biology*, 526. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2021.110798>