

## Prevalencia en el mundo de Circovirus porcino producido por genotipos PCV1, PCV2, PCV3 y PCV4

Prevalence in the world of Porcine Circovirus produced by genotypes PCV1, PCV2, PCV3 and PCV4.

César A. Piscoya<sup>1</sup>, José L. Vélchez<sup>1</sup>, Magaly de L. Díaz<sup>1</sup>, Jozua R. Sandoval<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo

Calle Juan XXIII s/n Lambayeque -Perú.

<sup>2</sup>Practica Privada

\*e-mail: cpiscoya@unprg.edu.pe

### Resumen

Circovirus porcino es una enfermedad multisistémica, es decir que afecta al aparato digestivo, respiratorio, renal, linfático, reproductivo, circulatorio, además origina dermatitis y es producida por diferentes genotipos virales, siendo el más estudiado PCV2, en consecuencia esta enfermedad origina grandes pérdidas económicas en la porcicultura, alcanzando cifras hasta de 600 millones de euros en la Unión Europea con una prevalencia de 42% en China, la finalidad del estudio fue: evaluar la prevalencia de circovirus porcino producidas por genotipos PCV1, PCV2, PCV3 y PCV4 y sus variantes genotípicas. El estudio fue cualitativo, con esquema descriptivo, para obtener la información fueron analizados 80 artículos de la plataforma Science Direct 50 documentos y 30 escritos de Scopus, de los cuales fueron excluidos 37 artículos, las causas de la eliminación fueron: 19 por no estar entre los años fijados (2018 a 2023) y 18 documentos por estar duplicados. La prevalencia promedio obtenida fue: PCV2= 43.38%; PCV3=31.55%; PCV4 = 40.37%; PCV1 = 21.10%; PCV2 – PCV4=18.20% y PCV2 – PCV3=26.40%, encontrándose prevalencia alta para los genotipos PCV2, PCV3 y PCV4; PCV1 y las infecciones mixtas tuvieron un porcentaje bajo, esta prevalencia va cambiando a nivel mundial, con una tendencia de incrementarse las cifras de

otros genotipos como PCV3, así mismo aparecieron en China otras variantes genotípicas, entre ellas tenemos: PCV2a; PCV2b-1c y PCV2d, cuya cifra porcentual es alta para PCV2d=95.30% (709/744) y valores bajos para las siguientes cepas, PCV 2b=2.01% (15/744); PCV2a=1.88% (14/744) y PCV2e= 0.81% (6/744). Se concluye que los genotipos PCV2, PCV4, PCV3 y PCV1 tienen una prevalencia alta, igualmente la variante PCV2d.

### Palabras claves.

Circovirus porcino, enfermedad, prevalencia, variantes genotípicas

### Abstract

Porcine circovirus is a multisystem disease, that is, it affects the digestive, respiratory, renal, lymphatic, reproductive and circulatory systems. It also causes dermatitis and is produced by different viral genotypes, the most studied being PCV2. Consequently, this disease causes great economic losses in pig farming, reaching figures of up to 600 million euros in the European Union with a prevalence of 42% in China, the purpose of the study was: to evaluate the prevalence of porcine circoviruses produced by genotypes PCV1, PCV2, PCV3 and PCV4 and their variants genotypic. The study was qualitative, with a descriptive scheme, to obtain the information, 80 articles from the Science Direct platform were analyzed, 50 documents and 30 writings from

Scopus, of which 37 articles were excluded, the causes of elimination were: 19 because they were not among the years set (2018 to 2023) and 18 documents due to being duplicates. The average prevalence obtained was: PCV2= 43.38%; PCV3=31.55%; PCV4=40.37%; PCV1=21.10%; PCV2 – PCV4=18.20% and PCV2 – PCV3=26.40%, with high prevalence found for the PCV2, PCV3 and PCV4 genotypes; PCV1 and mixed infections had a low percentage. This prevalence is changing worldwide, with a tendency to increase the numbers of other genotypes such as PCV3. Other genotypic variants also appeared in China, among them we have: PCV2a; PCV2b-1c and PCV2d, whose percentage figure is high for PCV2d=95.30% (709/744) and low values for the following strains, PCV 2b=2.01% (15/744); PCV2a=1.88% (14/744) and PCV2e= 0.81% (6/744). It is concluded that the PCV2, PCV4, PCV3 and PCV1 genotypes have a high prevalence, as does the PCV2d variant

### Key words:

Porcine circovirus, disease, prevalence, genotypic variants

### Introducción

El circovirus porcino 4 (PCV4), fue encontrado en cerdos en las provincias de China de Hunan y Chaanxi, se aisló cinco cepas con genoma ADN completo, una de las cuales fue SX-ZX, caracterizado con bucle de tallo ORF1 y ORF2, los virus de la familia Circoviridae cuyo género Circovirus (PCV1, PCV2, PCV3, y PCV4), el virus PCV4, fue aislado en cerdos sanos y enfermos en todos los tejidos, especialmente en el bazo y ganglios linfáticos (Chen et al., 2023); el ADN del PCV4 es monocatenario circular de 1770 nucleótidos (Wu et al., 2022); además existen varios genotipos entre ellos PCV2, con sub genotipos PCV2a, PCV2b y PCV2d con más virulencia que PCV2e aislado en ganglios linfáticos (Oh et al., 2022); el PCV2 origina signos clínicos reproductivos, y la infección subclínica se observa dermatitis y nefropatía; PCV3 fue

aislado en Estados Unidos en el año 2016 originando alteraciones reproductivas en los cerdos (Hayashi et al., 2023).

Asimismo, PCV2, origina el síndrome de emaciación posdetete poli sistémico, presentando un conjunto de signos clínicos: diarrea, disnea, deficiente conversión alimenticia, anemia, ictericia, nefropatía y alteraciones reproductivas, alcanzando hasta 20% de mortalidad (Yu et al., 2023); por otro lado en Canadá en 1991 se encontró el virus por primera vez, aislándose en la placenta y semen, así pues esta enfermedad causó 600 millones de euros de pérdida en los países de la Unión Europea, por añadidura en China se encontró una prevalencia de 42.9%.

En realidad el virus PCV3 fue aislado en el año 2016, el cual originó lesiones multisistémicas: falla reproductiva, dermatitis porcina y síndrome de nefropatía, sin embargo, por sí sólo este virus no origina estas lesiones, debido a la falta de receptores en la célula huésped para permitir su ingreso, ya que los virus evaden al sistema inmune, demostrado por la viremia de 42 días después de la infección, igualmente la epidemiología de este virus no está claro, debido que se encontró en diferentes especies, la forma de transmisión y eliminación por fluidos corporales, existiendo la posibilidad de prevalencia en los años siguientes (Kroeger et al., 2022).

Aparte, el virus PCV3, fue encontrado en fetos momificados 270/276, representando el 97%, las muestras provinieron de cinco estados brasileños, es más se halló cinco cepas de este microorganismo, /RS/5/2018;BR/SC/L322/2018; BR/PR/944/2018; BR/MS/AZ 3105/2018 y BR/GO/9/2018) con similitud de 97% entre estas variantes (Dal Santo et al., 2020a); además en las provincias de china (Henan y Shaanxi), se aisló el PCV4 de 145 muestras provenientes de nueve granjas, las muestras se tomaron de cerebro, hígado, pulmones, riñones, los cerdos presentaron signos clínicos: neumonía y enteritis (Chen et al., 2023).

También se aisló en fetos porcinos momificados PCV3 y PCV2, mediante reacción de cadena de polimerasa convencional: PCV3 (12/276) 4.3%; PCV3 y PCV2 (73/276) 26.4%; doce

muestras fue positiva para PCV3 (Dal Santo et al., 2020a); existen tres tipos de PCV: siendo el PVC1 no patógeno; PCV2 es muy patógeno en todo el mundo y PCV3 produciendo alteraciones cardíacas y multisistémica, este tipo conformado por ADN circular conformado por 200 nucleótidos y proteínas: ORF1, esta región sintetiza 296 aminoácidos (Rep); ORF2 traduce 241 aminoácidos (Cap) que conforman la cápsida (Ha et al., 2020).

Por otro lado, en el año 2019 aparece otro tipo de coronavirus PCV4, se aisló en cerdos de 7 semanas con alteraciones entéricas y respiratorias; asimismo PCV3 fue aislado por primera vez en Estados Unidos, en granjas con problemas reproductivos (baja fertilidad, aumento de la tasa de momias y mortinatos) (Kroeger et al., 2022); no obstante PCV1, PVC2, y PVC3 son las tres cepas de circovirus que se propagan en los cerdos, sin embargo el PCV2 es la cepa principal que infecta a los cerdos (Sun et al., 2021); asimismo resultó una variante PCV2d- 2 (481 pb) que demuestra una similitud filogenética de 94% a PCV2, originando varios procesos clínicos: dermatitis y nefropatía porcina, emaciación multisistémica pos destete, mostrando lesiones a nivel renal, como petequias y equimosis, también se presentó meningoencefalitis, neumonía, amigdalitis y enteritis (Sahoo et al., 2022).

En realidad, se identificó las variantes de PCV2 basadas en el gen cap cuyos genotipos fueron: PCV2a; PCV2b-1c y PCV2d (Mukherjee et al., 2018a); es necesario tener en cuenta las coinfecciones por PCV2 Y PCV3, ambos genotipos virales tienen la misma patogenia, es decir que la replicación la realizan en el tejido linfoideo originando inmunosupresión, esta es una de las razones de controlar la prevalencia asimismo las variaciones genéticas de ambos virus, esto se realizó en China entre 2018 a 2020 utilizando PCR en tiempo real (Xu et al., 2021a); a saber en Vietnam en el año 2022, se incrementó el número de cerdos infectados por circovirus porcino, siendo las

cepas causantes PCV2, PCV3 y PCV4, de los cuales el 30% fue positivo tanto para PCV2 y PCV3, además coinfección por PCV2-PCV3; la cepa PCV3 se encontró asociada a PCV3b y el 80% de la PCV2 se halló en el genotipo PCV2d, ahora bien, se reportó diferenciaciones de aminoácidos de cepas de campo de PCV2 con las cepas vacunales, considerándose alta la coprovalencia de PCV3 y PCV2 (Lai et al., 2023).

Específicamente, el PCV4 fue descubierto en el año 2019 en cerdos domésticos de China, no obstante este virus se encontró en jabalíes de ese país, asimismo en cerdos domésticos de Corea del Sur y Tailandia; en Europa y Sudamérica también se encontró PCV4 en cerdos domésticos y jabalíes, en España se reportó en jabalíes 34.30% (57/166) y 4% (9/223) en cerdos ibéricos, en definitiva al analizar los genes Rep y Cap se identificó el PCV4, siendo la prevalencia relativamente alta en jabalíes (Holgado-Martín et al., 2023); además en Tailandia se reportó PCV4 0.4% (3/734 muestra) tanto de fetos abortados como de cerdos con problemas respiratorios, es más, se reportó coinfecciones PCV2 – PCV4, el 98% de nucleótidos de la cepa PCV4 fue similar al PCV4b Chino y Coreano (Sirisereewan et al., 2023).

Por añadidura, en China en base al gen Cap se identificaron los genotipos PCV2d y PCV3a, encontrándose una prevalencia mayor de 50% para PCV2, PCV4 aproximadamente 50% y PCV3 de 30 a 35% (Peng et al., 2023); es más en China se realizó un estudio en jabalíes, entre los años 2018 a 2020, se encontró positivos para: PCV1=1.6% (4/247); PCV2=58.3% (144/247) y PCV3 (27/247) (Gong et al., 2023); por otro lado en Malasia, se aisló PCV4 cuya prevalencia fue 4.08% (2/49), estas cepas se obtuvieron de cerdos clínicamente sanos (Bronceado et al., 2023); en Austria, se evaluó Circovirus porcino, y se encontró PCV3, 15.4% en cerdos sanos (30 sueros), 12.60% de cerdos enfermos (119 conjunto de tejidos) (Mayrhofer, Martina et al., 2023); en un estudio realizado en Japón de la especie jabalíes, se reportó una prevalencia de: PCV2= 8.30% (21/254); PCV3= 16.80% (43/256) y PCV2- PCV3=16.80% (43/256), siendo PCV3 ( $p<0.014$ ) de mayor prevalencia en jabalíes adultos que en jóvenes (Kaneko et al., 2023).

Ahora bien, en un estudio realizado en la India, se aisló el genotipo PCV2 y la variante PCV2d fue el genotipo más dominante, por tanto, para la elaboración de las futuras vacunas se debe dar preferencia a esta variante (D'silva et al., 2023); no obstante se detectó PCV2 en las oficinas de la granja (37.50%); personal de la granja (25.00%) y perímetro (21.00%), en definitiva para prevenir Circovirus porcino, se debe tener un sistema de bioseguridad eficiente con un buen aseo y desinfección (López-Lorenzo et al., 2022); en China también se investigó sobre la prevalencia de PCV3, para lo cual se tomaron 1291 muestras resultando positivas 312, luego se tomaron 164 muestras positivas resultando 61.80% positivas para el genotipo PCV3, siendo dominante en las provincias de Hebei y en la ciudad de Chongqin (Ku et al., 2022); aparte en otro estudio realizado en China entre los años 2020 a 2022, se obtuvo una prevalencia de PCV2= 26.46% y PCV3=33.46%, además la tasa de coinfección se duplicó de 5.75% en el año 2020 a 10,45% en el año 2022, además se identificó los siguientes genotipos: uno PCV2a, cinco PCV2b, siete PCV2d, siendo este genotipo una variante de PCV2 (Yang et al., 2022).

También, en un estudio realizado en Colombia, se reportó PCV2d en 90.00% (135 cerdos muestreados) (Uribe-García et al., 2022); igualmente en la provincia de China (Guangdong), se reportó una prevalencia de PCV2 de 51.3% (297/573) (Nan et al., 2022); por un lado, la prevalencia de PCV2 en Tami Nadu al sur de la India, fue 10.5% de los positivos, 38.50% resultó positivo a PCV2b, existiendo una homología de 99.72% a la cepa de China y 100% a la cepa de Taiwan (Parthiban et al., 2022); asimismo en Hungría se aisló el genotipo PCV3, el 100% pertenecieron al genotipo PCV3a (Igriczi et al., 2022); es más en Colombia la prevalencia más alta fue para PCV3 y menor porcentaje PCV2, también se reportó coinfecciones PCV2-PCV3, predomina la variante PCV2d (Vargas-Bermudez et al., 2022); en Ucrania, la prevalencia de PCV2 fue de 31.80%

(34/107), asimismo en muestras de hígado tomadas en la ciudad de Kharkiv en 2019, fue de 37% (6/16) para PCV2 (Rudova et al., 2022).

Por añadidura, en Italia se evaluó Circovirus porcino, para la cual se tomó una muestra de hígado de 82 jabalíes y se obtuvo 27.00% (22/82), para PCV2, PCV3=71.00% (58/82) y PCV2-PCV3=24.40% (20/82) (Fanelli et al., 2022); además trabajos realizados en diferentes regiones de china la prevalencia fue: PCV3=42.87%, el mayor porcentaje de cerdos infectados fueron: multíparas 62.22% (881/1416), cerdos de engorde 28.96% (159/549); lechones lactantes 8.96% (32/357) y lechones destetados 11.79% (29/246) (Yue et al., 2021); es más de 744 casos, se reportó positivos: PCV2d=709; PCV 2b=15; PCV2a= 14 y PCV2e= 6 (Park y Chae, 2021); asimismo al noreste de China se reportó una prevalencia de 58.10%, siendo más alta en Xinjing 86.30% y en cerdos destetados 59.90% (Liu et al., 2020).

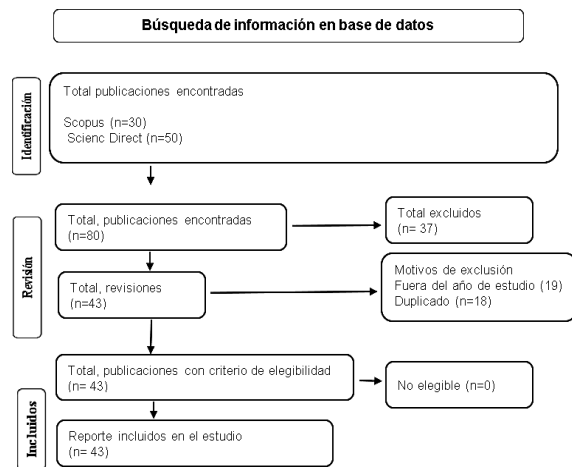
Por otro lado, existen medicamentos que inhiben la replicación viral, dentro de estos medicamentos tenemos la ivermectina, que actúan sobre las proteínas cap, encargadas de la replicación (Wang et al., 2019); a saber, en el comercio existen vacunas inactivadas contra el PCV2, estas vacunas están compuestas por proteínas de la cápside sin ácidos nucleicos, partículas similares a virus (VLP), consideradas como nano partículas autoensamblables de gran rendimiento de anticuerpos (Zepeda-Cervantes et al., 2019) El presente estudio planteó el siguiente objetivo: evaluar la prevalencia de Circovirus porcino producido por genotipos PCV1, PCV2, PCV3 y PCV4.

## Metodología

La revisión metódica de la investigación se obtuvo mediante la indagación evidente detallada, empleándose metodología descriptiva con perspectiva documental, es decir explorando bibliografía adecuadas en la red, dentro de las principales fuentes de investigación fueron: Scopus y Science Direct, las palabras clave empleada fue, prevalence of swine circovirus, se citaron investigaciones entre los años 2018 a 2023, los criterios de inclusión fueron artículos científicos sobre prevalencia de circovirus porcino y los de exclusión aquellos que no se encontraron dentro del intervalo de tiempo establecido. Se revisó 80 documentos, de los cuales 43 cumplieron con los objetivos (figura 1).

## Figura 1.

Diagrama de flujo del proceso de revisión de búsqueda de publicaciones referenciales



## Resultados

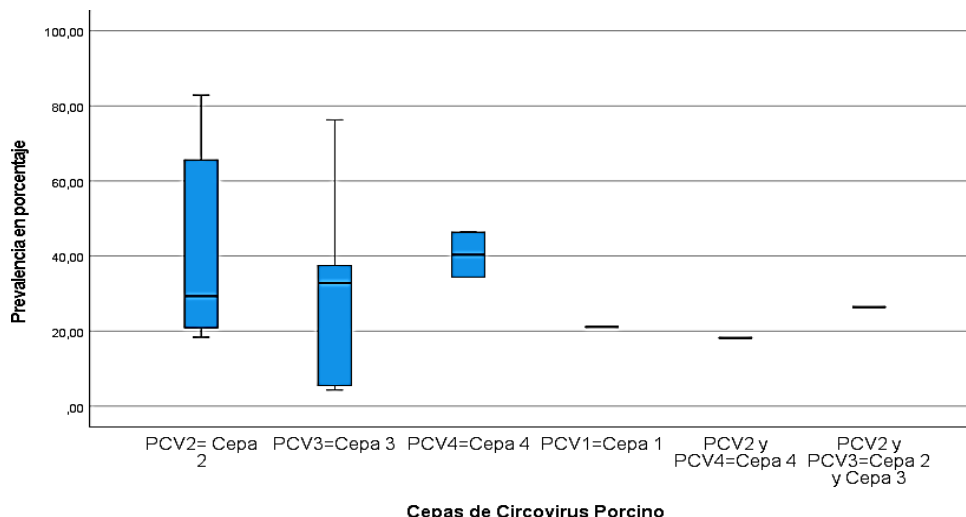
Tabla 1

Genotipos virales de *Circovirus porcino*

Localidad	Año	Genotipo	Cepa	Referencia
Hunan y Shaanxi	2019	PCV4	SX-ZX, SX-ZX (PCV1) PCV2; PCV3 y PCV4 PCV2 y PCV3	(Chen et al., 2023) (Xu et al., 2022b)
India (Región Nor Oriental)	2019	PCV2a; PCV2b-1c y PCV2d	PCV2	(Mukherjee et al., 2018b)
China	2019	PCV2 Y PCV3		(Guo et al., 2020)

## Figura 2

Prevalencia (%) de diferentes cepas de *Circovirus Porcino* en las diferentes granjas del mundo



**Tabla 2**

*Prevalencia (%), de diferentes cepas de Circovirus porcinos aisladas en diferentes partes del mundo*

Localidad	Granjas	Año	Muestra	Cepa	Positivo	Porcentaje	Referencia
China	271	2016 - 2019	4094	PCV2	1200	29.31	(Ha et al., 2020)
China	271	2016 - 2019	271	PCV2	201	74.2	
China	55	2022	113/198	PCV2	113	57.07	(Xu et al., 2022)
China	55	2022	72/198	PCV3	72	36.36	
China	22	2021	24/64	PCV3	24	37.50	(Hou et al., 2021)
China	22	2021	22/64	PCV4	22	34.38	
China			36/190	PCV2 (PCV2a; PCV2b-1c y PCV2d)	36	18.94	
Sudáfrica	6	2015-2016		PPV1		29.1	(Afolabi et al., 2019)
Sudáfrica	6	2015-2016		PPV2		21.8	
Sudáfrica	6	2015-2016		PPV3		5.5	
Sudáfrica	6	2015-2016		PPV4		43.6	
Sudáfrica	6	2015-2016		PPV2/PPV4		18.2	
Brasil	11	2016-2018	12/276	PCV3	12	4.3	(Dal Santo et al., 2020)
Brasil	11	2016-2018	73/276	PCV3 PCV2	73	26.4	
EE.UU	271		1200/4094	PCV3	1200	29.3	(Ha et al., 2020)
	131		20/100	PCV2	20	20.0	(Wilfred et al., 2018)
Uganda Central	76		63/76	PCV2	63	82.89	(Guo et al., 2020)
	76		58/76	PCV3	58	76.32	

**Tabla 3**

Análisis descriptivo sobre prevalencia (%) de cepas de Circovirus Porcina en diferentes lugares del mundo

Prevalencia en porcentaje	N	Media	Desviación estándar	Error estándar	95% I. C. para la media		Mínimo	Máximo
					Límite inferior	Límite superior		
PCV2=Cepa 2	7	43,38	27,48	10,39	17,96	68,80	18,40	82,89
PCV3=Cepa 3	6	31,55	26,42	10,78	3,82	59,27	4,30	76,32
PCV4=Cepa 4	2	40,37	8,47	5,99	-35,74	116,48	34,38	46,36
PCV1=Cepa 1	1	21,10	.	.	.	.	21,10	21,10
PCV2 y PCV4=Cepa 4	1	18,20	.	.	.	.	18,20	18,20
PCV2 y PCV3=Cepa 2 y Cepa 3	1	26,40	.	.	.	.	26,40	26,40
Total	18	35,52	23,34	5,501	23,92	47,13	4,30	82,89

*Nota:* elaboración propia

En la tabla 1 se muestran los diferentes genotipos virales encontrados en el mundo: PCV2, PCV3 y PCV4, también se encontró los sub genotipos PCV2a; PCV2b-1c y PCV2d; en la tabla 2 y 3, asimismo en la figura 2, se aprecia el porcentaje de las cepas de circovirus porcinas, siendo la cepa PCV2= 43.38%; PCV3=31.55%; PCV4=43.37%; PCV1=21.10%; PCV2 - PCV4=18.20%; PCV3 - PCV2=26.40%

### Discusión

Los diferentes genotipos causantes de la enfermedad de Circovirus porcino, se observan en la tabla 1 y 2, siendo estas cepas: PCV2, PCV3 y PCV4; así tenemos, el genotipo PCV2 originó una serie de signos clínicos a nivel poli sistémico como: anemia, nefropatía, enteritis, neumonía, ictericia y desordenes reproductivos (Yu et al., 2023); por otro lado en China entre los años de 2016-2019, se reportó 29.31% en 271

granjas, en este lapso de tiempo también se encontró este mismo virus 74.20% (Ha et al., 2020); igualmente en Sudáfrica entre 2015- 2016 se estimó una tasa de 29.10% (Afolabi et al., 2019); asimismo en el año 1991 fue reportada esta enfermedad en Canadá, el virus se obtuvo de la placenta y eyaculado del cerdo, posteriormente la prevalencia de Circovirus porcino a causa del virus de genotipo PCV2 se incrementó en China 42.90% (Liu et al., 2020) y 57.07% (Xu et al., 2022).

También en la tabla 1 y 2 se presentan infecciones de circovirus producida por genotipos PCV3= 37.50%; PCV4=34.38% (Hou et al., 2021); PCV1= 29.10% (Afolabi et al., 2019); además se presentaron infecciones mixtas, PCV2 - PCV4= 18.20% (Afolabi et al., 2019) y PCV3 - PCV4= 26.40% (Dal Santo et al., 2020b), los signos clínicos producidos por las cepas PCV2 y PCV3 son similares es decir que existen alteraciones en los diferentes sistemas del organismo animal, pero su epidemiología de PCV3 no está esclarecida, debido que este virus fue

encontrado en diferentes especies (Kroeger et al., 2022).

En cuanto a la cepa PCV1, algunos autores la consideran no patógena (Ha et al., 2020); sin embargo, (Sun et al., 2021), sostienen que las tres cepas (PCV1, PCV2 y PCV3) son causantes de circovirus porcino, siendo el genotipo principal PCV2, además existe una variante PCV2d- 2 que tiene una similitud filogenética de 94% a PCV2, y los signos clínicos que produce este virus es multisistémico (Sahoo et al., 2022).

En la figura 2 y tabla 3 podemos observar los porcentajes promedios de los genotipos de Circovirus porcino, así tenemos: PCV2=43.38%; PCV3=31.55%; PCV4=40.37%; PCV1=21.10%; PCV2 – PCV4=18.20% y PCV2 y PCV3= 26.40%, siendo el PCV2 el genotipo de circovirus de mayor prevalencia, (Ha et al., 2020).

Sobre todo, el genotipo PCV2 es altamente patógeno, produciendo signos y lesiones en los diferentes sistemas; en cuanto a su estructura bioquímica, PCV2 tiene un genoma ADN, circular, conformado por 1766 a 1768 nucleótidos, rodeado de cuatro regiones principales codificadoras de proteína: ORF1 (codifica proteínas Rep1 y Rep2; ORF2 (proteínas de la cápsida), ORF3 y ORF4 (proteínas que regulan la replicación viral) (Franzo et al., 2015); a diferencia del virus de genotipo PCV4 cuyo genoma es monocatenario circular y conformado por 1770 nucleótidos (Wu et al., 2022), la prevalencia y la epidemiología de esta enfermedad han permitido identificar nuevas variantes que causan la enfermedad de Circovirus porcino asimismo la identificación filogenética de los genotipos virales y poder fabricar vacunas polivalentes con las nuevas cepas virales, esto debido que en el comercio existen vacunas inactivadas para prevenir dicha enfermedad causada por PCV2 (Zepeda-Cervantes et al., 2019).

### Conclusiones

De acuerdo con el objetivo planteado se concluye:

La prevalencia más alta de los genotipos

virales causantes de Circovirus porcino fueron: PCV2= 43.38%; PCV4=40.37%; PCV3=31.55%; PCV1=21.10%

Las coinfecciones que se produjeron: PCV2 – PCV4=18.20% y PCV2 – PCV3=26.40%.

Las nuevas variantes genotípicas que aparecieron fueron: PCV2d=95.30% (709/744); PCV 2b=2.01% (15/744); PCV2a=1.88% (14/744) y PCV2e= 0.81% (6/744).

### Referencias

- Afolabi, K. O., Iweriebor, B. C., Obi, L. C., & Okoh, A. I. (2019). Prevalence of porcine parvoviruses in some South African swine herds with background of porcine circovirus type 2 infection. *Acta Tropica*, 190, 37-44. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.10.010>
- Bronceado CY, R., T., Arshad SS, Hasan L., Lee CY, SE bajo, Fong WCM, & Ooi PT. (2023). *Scopus—Detalles del documento—Primera detección molecular de circovirus porcino tipo 4 (PCV4) en Malasia | Registrado*. <https://www.scopus.com/record/display.uri?eid=2-s2.0-85175068358&origin=resultslist&sort=plf-f&src=s&sid=ec5088413b94fd1f2fa6e97418bf55da&sot=b&sdt=b&s=Title-abs-key%28prevalence+of+swine+circovirus%29&sl=45&sessionsearchId=ec5088413b94fd1f2fa6e97418bf55da>
- Chen, X.M., Zhao, Y.-Y., Liu, X.C., Han, Y.-Y., Zhang, Y.H., Hou, C.Y., Zheng, L.L., Ma, S.-J., & Chen, H.-Y. (2023). Molecular detection and genetic characteristics of a novel porcine circovirus (porcine circovirus 4) and porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Shaanxi and Henan Provinces of China. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 98, 102009. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2023.102009>



- Dal Santo, A. C., Cezario, K. C., Bennemann, P. E., Machado, S. A., & Martins, M. (2020a). Full-genome sequences of porcine circovirus 3 (PCV3) and high prevalence in mummified fetuses from commercial farms in Brazil. *Microbial Pathogenesis*, *141*, 104027. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104027>
- Dal Santo, A. C., Cezario, K. C., Bennemann, P. E., Machado, S. A., & Martins, M. (2020b). Full-genome sequences of porcine circovirus 3 (PCV3) and high prevalence in mummified fetuses from commercial farms in Brazil. *Microbial Pathogenesis*, *141*, 104027. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104027>
- D'silva, A. L., Bharali, A., Buragohain, L., Pathak, D. C., Ramamurthy, N., Batheja, R., Mariappan, A. K., Gogoi, S. M., Barman, N. N., Dey, S., & Chellappa, M. M. (2023). Molecular characterization of porcine circovirus 2 circulating in Assam and Arunachal Pradesh of India. *Animal Biotechnology*, *34*(2), 462-466. Scopus. <https://doi.org/10.1080/10495398.2021.1955700>
- Fanelli, A., Pellegrini, F., Camero, M., Catella, C., Buonavoglia, D., Fusco, G., Martella, V., & Lanave, G. (2022). Genetic Diversity of Porcine Circovirus Types 2 and 3 in Wild Boar in Italy. *Animals*, *12*(8). Scopus. <https://doi.org/10.3390/ani12080953>
- Gong, W., Du, H., Wang, T., Sun, H., Peng, P., Qin, S., Geng, H., Zeng, Z., Liang, W., Ling, H., Tu, C., & Tu, Z. (2023). Epizootiological surveillance of porcine circoviruses in free-ranging wild boars in China. *Virologica Sinica*, *38*(5), 663-670. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.virs.2023.08.008>
- Guo, Z., Ruan, H., Qiao, S., Deng, R., & Zhang, G. (2020). Co-infection status of porcine circoviruses (PCV2 and PCV3) and porcine epidemic diarrhea virus (PEDV) in pigs with watery diarrhea in Henan province, central China. *Microbial Pathogenesis*, *142*, 104047. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104047>
- Ha, Z., Li, J., Xie, C., Yu, C., Hao, P., Zhang, Y., Xu, W., Nan, F., Xie, Y., Li, Y., Rong, F., Wang, G., Guo, Y., Lu, H., & Jin, N. (2020). Prevalence, pathogenesis, and evolution of porcine circovirus type 3 in China from 2016 to 2019. *Veterinary Microbiology*, *247*, 108756. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2020.108756>
- Hayashi, S., Sato, T., Ono, H., Ito, S., Takai, R., Shibuya, K., & Sasakawa, C. (2023). Experimental inoculation of a tissue homogenate containing porcine circovirus type 3 obtained after two in vivo passages in NIBS miniature pigs. *Veterinary Microbiology*, *281*, 109740. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2023.109740>
- Holgado-Martín, R., Arnal, J. L., Sibila, M., Franzo, G., Martín-Jurado, D., Risco, D., Segalés, J., & Gómez, L. (2023). First detection of porcine circovirus 4 (PCV-4) in Europe. *Virology Journal*, *20*(1). Scopus. <https://doi.org/10.1186/s12985-023-02181-1>
- Hou, C.Y., Xu, T., Zhang, L.H., Cui, J.T., Zhang, Y.H., Li, X.S., Zheng, L.L., & Chen, H.Y. (2021). Simultaneous detection and differentiation of porcine circovirus 3 and 4 using a SYBR Green I-based duplex quantitative PCR assay. *Journal of Virological Methods*, *293*, 114152. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2021.114152>
- Igriczi, B., Dénes, L., Biksi, I., Albert, E., Révész, T., & Balka, G. (2022). High Prevalence of Porcine Circovirus 3 in

- Hungarian Pig Herds: Results of a Systematic Sampling Protocol. *Viruses*, 14(6). Scopus. <https://doi.org/10.3390/v14061219>
- Kaneko, F., Kato, M., & Ito, Y. (2023). Porcine circoviruses in wild boars in Nagano Prefecture, Japan. *Journal of Veterinary Medical Science*, 85(3), 367-370. Scopus. <https://doi.org/10.1292/jvms.22-0034>
- Kroeger, M., Temeeyasen, G., & Piñeyro, P. E. (2022). Five years of porcine circovirus 3: What have we learned about the clinical disease, immune pathogenesis, and diagnosis. *Virus Research*, 314, 198764. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2022.198764>
- Ku, Xugang, Zhang, Chengjun, Li, Panpan, Yu, Xuexiang, Sol, Qi, Xu, Fengqin, Qian, Ping, & Él, Qigai. (2022). *Scopus—Document details—Epidemiological and genetic characteristics of porcine circovirus 3 in 15 provinces and municipalities of China between 2016 and 2020 / Signed in.* <https://www.scopus.com/record/display.uri?eid=2-s2.0-85141841797&origin=resultslist&sort=plf-f&src=s&sid=731fac834910c63f598e987a13a92910&sot=b&sdt=b&s=TITLE-ABS-KEY%28prevalence+AND+of+AND+swine+AND+circovirus%29&sl=45&sessionSearchId=731fac834910c63f598e987a13a92910>
- Lai, D. C., Nguyen, D. M. T., Nguyen, T. T., Ngo, T. N. T., & Do, D. T. (2023). Co-circulation and genetic characteristics of porcine circoviruses in postweaning multisystemic wasting syndrome cases in commercial swine farms. *VirusDisease*, 34(4), 531-538. Scopus. <https://doi.org/10.1007/s13337-023-00849-4>
- Liu, Y., Gong, Q.-L., Nie, L.-B., Wang, Q., Ge, G.-Y., Li, D.-L., Ma, B.-Y., Sheng, C.-Y., Su, N., Zong, Y., Li, J.-M., Shi, K., Leng, X., & Du, R. (2020). Prevalence of porcine circovirus 2 throughout China in 2015–2019: A systematic review and meta-analysis. *Microbial Pathogenesis*, 149, 104490. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104490>
- López-Lorenzo, G., Prieto, A., López-Novo, C., Díaz, P., Remesar, S., Morrondo, P., Fernández, G., & Díaz-Cao, J. M. (2022). Presence of Porcine Circovirus Type 2 in the Environment of Farm Facilities without Pigs in Long Term-Vaccinated Farrow-to-Wean Farms. *Animals*, 12(24). Scopus. <https://doi.org/10.3390/ani12243515>
- Mayrhofer, Martina, Sattler, Tatjana, & Steinrigl, Adi. (2023). *Scopus—Detalles del documento—Detección y cuantificación de PCV-3 en cerdos austriacos mediante PCR dúplex en tiempo real / Registrado.* <https://www.scopus.com/record/display.uri?eid=2-s2.0-85156231584&origin=resultslist&sort=plf-f&src=s&sid=ec5088413b94fd1f2fa6e97418bf55da&sot=b&sdt=b&s=TITLE-ABS-key%28prevalence+of+swine+circovirus%29&sl=45&sessionsearchId=ec5088413b94fd1f2fa6e97418bf55da>
- Mukherjee, P., Karam, A., Barkalita, L., Borah, P., Chakraborty, A. K., Das, S., Puro, K., Sanjukta, R., Ghatak, S., Shakuntala, I., Laha, R. G., Sen, A., & Sharma, I. (2018a). Porcine circovirus 2 in the North Eastern region of India: Disease prevalence and genetic variation among the isolates from areas of intensive pig rearing. *Acta Tropica*, 182, 166-172. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica>

- 2018.02.025  
Mukherjee, P., Karam, A., Barkalita, L., Borah, P., Chakraborty, A. K., Das, S., Puro, K., Sanjukta, R., Ghatak, S.,  
Shakuntala, I., Laha, R. G., Sen, A., & Sharma, I. (2018b). Porcine circovirus 2 in the North Eastern region of India: Disease prevalence and genetic variation among the isolates from areas of intensive pig rearing. *Acta Tropica*, 182, 166-172. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.02.025>
- Nan, W., Wu, J., Hu, H., Peng, G., Tan, S., & Deng, Z. (2022). Prevalence and genetic diversity of porcine circovirus type 2 in northern Guangdong Province during 2016–2021. *Frontiers in Veterinary Science*, 9. Scopus. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.932612>
- Oh, T., Cho, H., Suh, J., & Chae, C. (2022). Virulence Comparison of Four Porcine Circovirus Type 2 (PCV2) Genotypes (2a, 2b, 2d and 2e) in Pigs Single-Infected with PCV2 and Pigs Dual-Infected with PCV2 and *Mycoplasma hyopneumoniae*. *Journal of Comparative Pathology*, 199, 88-98. <https://doi.org/10.1016/j.jcpa.2022.09.012>
- Park, K. H., & Chae, C. (2021). The prevalence of porcine circovirus type 2e (PCV2e) in Korean slaughter pig lymph nodes when compared with other PCV2 genotypes. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(6), 3043-3047. Scopus. <https://doi.org/10.1111/tbed.13975>
- Parthiban, S., Ramesh, A., Karuppanan, A. K., Dhinakar Raj, G., Johnson Rajeswar, J., Hemalatha, S., Jaisree, S., Senthilkumar, K., Balasubramanyam, D., Parthiban, M., & Ghadevaru, S. (2022). Emergence of novel Porcine circovirus 2 genotypes in Southern India. *Transboundary and Emerging Diseases*, 69(4), 1804-1812. Scopus. <https://doi.org/10.1111/tbed.14158>
- Peng, Q., Shi, J., Lang, Y., Zhu, Y., Huang, X., Cao, S., Yan, Q., & Zhao, S. (2023). Phylogenetic Analysis and Serological Investigation of Porcine Circovirus Indicates Frequent Infection with Various Subtypes. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(21). Scopus. <https://doi.org/10.3390/ijms242115850>
- Rudova, N., Buttler, J., Kovalenko, G., Sushko, M., Bolotin, V., Muzykina, L., Zinenko, O., Stegnyy, B., Dunaiev, Y., Sytiuk, M., Gerilovych, A., Drown, D. M., Bortz, E., & Solodiankin, O. (2022). Genetic Diversity of Porcine Circovirus 2 in Wild Boar and Domestic Pigs in Ukraine. *Viruses*, 14(5). Scopus. <https://doi.org/10.3390/v14050924>
- Sahoo, M., Pathak, M., Patel, S. K., Saikumar, G., Upmanyu, V., Thakor, J. C., Kumar, P., Singh, R., Singh, K., & sahoo, N. R. (2022). Pathomorphology, immunohistochemical, and molecular detection of an atypical porcine dermatitis and nephropathy syndrome (PDNS) due to PCV-2d-2 in naturally affected grower pigs of India. *Microbial Pathogenesis*, 171, 105738. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2022.105738>
- Sirisereewan, C., Nguyen, T. C., Piewbang, C., Jittimane, S., Kedkovid, R., & Thanawongnuwech, R. (2023). Molecular detection and genetic characterization of porcine circovirus 4 (PCV4) in Thailand during 2019–2020. *Scientific Reports*, 13(1). Scopus. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-32382-1>
- Sun, W., Du, Q., Han, Z., Bi, J., Lan, T., Wang, W., & Zheng, M. (2021). Detection and genetic characterization of porcine circovirus 4 (PCV4) in Guangxi,

- China. *Gene*, 773, 145384.  
<https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.145384>
- Uribe-García, H. F., Suarez-Mesa, R. A., & Rondón-Barragán, I. S. (2022). Survey of porcine circovirus type 2 and parvovirus in swine breeding herds of Colombia. *Veterinary Medicine and Science*, 8(6), 2451-2459. Scopus.  
<https://doi.org/10.1002/vms3.949>
- Vargas-Bermudez, D. S., Mogollón, J. D., & Jaime, J. (2022). The Prevalence and Genetic Diversity of PCV3 and PCV2 in Colombia and PCV4 Survey during 2015–2016 and 2018–2019. *Pathogens*, 11(6). Scopus.  
<https://doi.org/10.3390/pathogens11060633>
- Wang, X., Lv, C., Ji, X., Wang, B., Qiu, L., & Yang, Z. (2019). Ivermectin treatment inhibits the replication of Porcine circovirus 2 (PCV2) in vitro and mitigates the impact of viral infection in piglets. *Virus Research*, 263, 80-86.  
<https://doi.org/10.1016/j.virusres.2019.01.010>
- Wilfred, E., Mutebi, F., Mwiine, F. N., James, O.-A., & Lonzy, O. (2018). Porcine Circovirus type 2 – Systemic disease on pig farms and associated knowledge of key players in the pig industry in Central Uganda. *International Journal of Veterinary Science and Medicine*, 6(2), 178-185.  
<https://doi.org/10.1016/j.ijvsm.2018.08.004>
- Wu, H., Hou, C., Wang, Z., Meng, P., Chen, H., & Cao, H. (2022). First complete genomic sequence analysis of porcine circovirus type 4 (PCV4) in wild boars. *Veterinary Microbiology*, 273, 109547.  
<https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2022.109547>
- Xu, T., Zhang, Y.H., Tian, R.B., Hou, C.Y., Li, X.S., Zheng, L.L., Wang, L.Q., & Chen, H.Y. (2021a). Prevalence and genetic analysis of porcine circovirus type 2 (PCV2) and type 3 (PCV3) between 2018 and 2020 in central China. *Infection, Genetics and Evolution*, 94, 105016.  
<https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.105016>
- Xu, T., Hou, C.Y., Zhang, Y.H., Li, H.X., Chen, X.M., Pan, J.J., & Chen, H.Y. (2022b). Simultaneous detection and genetic characterization of porcine circovirus 2 and 4 in Henan province of China. *Gene*, 808, 145991.  
<https://doi.org/10.1016/j.gene.2021.145991>
- Yang, Y., Xu, T., Wen, J., Yang, L., Lai, S., Sun, X., Xu, Z., & Zhu, L. (2022). Prevalence and phylogenetic analysis of porcine circovirus type 2 (PCV2) and type 3 (PCV3) in the Southwest of China during 2020–2022. *Frontiers in Veterinary Science*, 9. Scopus.  
<https://doi.org/10.3389/fvets.2022.1042792>
- Yu, C., Cao, M., Wei, Y., Liu, J., Zhang, H., Liu, C., Feng, L., & Huang, L. (2023). Evaluation of cross-immunity among major porcine circovirus type 2 genotypes by infection with PCV2b and PCV2d circulating strains. *Veterinary Microbiology*, 283, 109796.  
<https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2023.109796>
- Yue, W., Liu, Y., Zhang, X., Ma, H., & He, J. (2021). Molecular detection of porcine circovirus type 3 in Shanxi Province, China. *Animal Diseases*, 1(1). Scopus.  
<https://doi.org/10.1186/s44149-021-00008-6>
- Zepeda-Cervantes, J., Cruz-Reséndiz, A., Sampieri, A., Carreón- Nápoles, R., Sánchez-Betancourt, J. I., & Vaca, L. (2019). Incorporation of ORF2 from Porcine Circovirus Type 2(PCV2) into genetically encoded nanoparticles as a novel vaccine using a self-aggregating peptide.

*Vaccine*, 37(14), 1928-  
1937.  
<https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2019.02.044>