



Universitat Autònoma de Barcelona

**ADVERTIMENT.** L'accés als continguts d'aquesta tesi queda condicionat a l'acceptació de les condicions d'ús establertes per la següent llicència Creative Commons:  [http://cat.creativecommons.org/?page\\_id=184](http://cat.creativecommons.org/?page_id=184)

**ADVERTENCIA.** El acceso a los contenidos de esta tesis queda condicionado a la aceptación de las condiciones de uso establecidas por la siguiente licencia Creative Commons:  <http://es.creativecommons.org/blog/licencias/>

**WARNING.** The access to the contents of this doctoral thesis it is limited to the acceptance of the use conditions set by the following Creative Commons license:  <https://creativecommons.org/licenses/?lang=en>



**Universitat Autònoma de Barcelona**

**EVALUACIÓN DE LA BIOSEGURIDAD Y DEL  
RIESGO DE INGRESO DE ENFERMEDADES Y SU  
DISEMINACIÓN EN LA PRODUCCIÓN PORCINA  
DE LA ARGENTINA**

**Tesis doctoral presentada por: Laura Valeria Alarcón**

**Bajo la dirección de:**

**Alberto Allepuz Palau, Enric Mateu y Carlos Perfumo**

Bellaterra, 2019



**Alberto Allepuz y Enric Mateu, profesores del Departamento de Sanidad y Anatomía Animales de la Universidad Autónoma de Barcelona y Carlos Perfumo, profesor de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de La Plata (Argentina).**

**DECLARAN**

Que la memoria titulada “EVALUACIÓN DE LA BIOSEGURIDAD Y DEL RIESGO DE INGRESO DE ENFERMEDADES Y SU DISEMINACIÓN EN LA PRODUCCIÓN PORCINA DE LA ARGENTINA”, presentada por la Dra. Valeria Alarcón para optar al grado de doctor dentro del programa de doctorado de Medicina y Sanidad Animal de la Universidad Autónoma de Barcelona, ha sido realizada bajo su dirección y autorizan su presentación para que sea juzgada por la comisión correspondiente.

Dr. Alberto Allepuz

Dr. Enric Mateu

Dr. Carlos Perfumo

Med. Vet. Laura Valeria Alarcón

Bellaterra, marzo 2019



## AGRADECIMIENTOS

En primer lugar, me gustaría agradecer a mi familia, Francesco y Santiago por haber estado conmigo todos estos años, apoyándome en cada momento, tanto en los viajes como en las horas dedicadas a este estudio. A mi suegro que ya no está conmigo, pero quiero que parte de esto sea para él, por todo el amor que me dio, las horas interminables de charlas, la alegría y entusiasmo que sentía con cada uno de mis logros. A mis papás, agradecer por el mayor legado que me dejaron, el sabor por el estudio, y la lucha.

En segundo lugar, a mis directores, Alberto y Enric, que se subieron al desafío de una tesis a larga distancia. Hicieron que todo sea muy fácil, me dieron su apoyo incondicional en cada una de las cosas que planeaba, y sin ellos, sus viajes recorriendo Argentina, llenos de actividades y sus horas dedicadas, esta tesis no podría estar finalizada. A Carlos Perfumo, que hace 11 años sembró en mí las ganas de investigar, el sabor por la ciencia y la seriedad de la profesión veterinaria. También quiero agradecer una gran profesional y persona que fue una parte fundamental de estos estudios, Mariela Monterrubianesi, la cual confió y creyó en la importancia de esta investigación. A un investigador de excelencia que se cruzó en mi camino y ayudó muchísimo en mi formación y conocimiento, Pablo Cipriotti. Por últimos, a dos grandes personas, profesionales y amigos, que me ayudaron en pequeños y grandes detalles Ramón Sanguinetti y Adriana Risso.

Finalmente, a Dios, porque conociendo los deseos de mi corazón me dio la fortaleza y la bendición en todo este camino y pude hacer lo casi imposible en posible, disfrutando de mis estudios con alegría, entusiasmo y paz en estos 4 años.



TABLA DE CONTENIDOS .....	i
RESUMEN .....	iii
SUMMARY .....	vi
1. INTRODUCCIÓN .....	1
1.1. Transmisión de enfermedades .....	3
1.1.1. Conceptos generales sobre la transmisión de enfermedades .....	3
1.1.2. Formas de transmisión de las enfermedades .....	4
1.1.3. Vías de ingreso de los agentes patógenos en las granjas .....	5
1.1.4. Transmisión dentro de las granjas .....	8
1.1.5. Tasa básica de reproducción y tasa de diseminación entre granjas .....	9
1.2. Bioseguridad .....	9
1.2.1. El concepto y la importancia de la bioseguridad .....	9
1.2.2. Principales medidas de bioseguridad .....	12
1.2.2.1. Bioseguridad externa .....	12
1.2.2.2. Medidas de bioseguridad interna .....	17
1.2.3. Valoración de la bioseguridad .....	19
1.2.3.1. Valoración del riesgo.....	20
1.2.3.1.1. Valoración cuantitativa .....	20
1.2.3.1.2. Métodos de valoración cualitativa .....	21
1.2.4. Diseño y aplicación de los programas de bioseguridad .....	23
1.2.4.1. Factores que influyen en la aplicación de las medidas de bioseguridad .....	24
1.3. Los movimientos de animales como fuente de diseminación de enfermedades .....	26
1.3.1. Breve revisión de la metodología del análisis de redes .....	30
1.4. La Diarrea Epidémica Porcina .....	34
1.4.1. Etiología .....	34
1.4.2. Distribución geográfica e impacto .....	34
1.4.3. Transmisión .....	35
1.4.4. Formas de presentación .....	36
1.4.5. Diagnóstico diferencial .....	36
1.4.6. Estrategias de control y prevención .....	37
1.5. La producción porcina en la Argentina .....	38
1.5.1. Contexto histórico y situación actual, .....	38
1.5.2. Situación Sanitaria., .....	42



1.5.3. Ventajas competitivas y problemas estructurales, .....	43
1.5.4 Futuro del mercado porcino argentino .....	43
Referencias, .....	45
OBJETIVOS .....	56
ESTUDIO I .....	60
ESTUDIO II .....	86
DISCUSIÓN GENERAL .....	108
CONCLUSIONES .....	116
Recomendaciones para el SENASA.....	120
ANEXOS .....	122
Anexos A: Información suplementaria del estudio 1 .....	124
Anexo B: Información suplementaria del estudio 2 .....	151
Anexo C: Otras publicaciones y comunicaciones relacionadas con esta tesis .....	157

## RESUMEN

En la Argentina la industria de cerdos está creciendo rápido con un incremento de la necesidad de animales de reemplazo, alimentos y transportes. Una de las principales ventajas del país es su estatus sanitario ya que es libre de las principales enfermedades del cerdo. En este contexto, evitar la introducción y la diseminación de patógenos exóticos al país es de suma importancia. El objetivo de la presente tesis fue evaluar la bioseguridad de las granjas de cerdos de la Argentina y cómo los movimientos de animales podrían contribuir a la diseminación de enfermedades. En la primera parte se evaluó la bioseguridad de todas las granjas que suplen animales de genética (n=110) y una muestra de las granjas comerciales (n=192). Mediante un cuestionario se recopiló información sobre las medidas de bioseguridad externa e interna y se realizó un análisis de correspondencia y conglomerados para identificar tipologías de granjas. Luego se identificó que medidas caracterizan a cada grupo mediante el análisis de valores indicadores. Además de ello, se evaluó la bioseguridad externa a través un análisis de riesgo con respecto a la introducción del virus de Diarrea Epidémica Porcina (DEPV). En la segunda parte de la tesis, se obtuvieron los datos de todos los movimientos de animales del periodo 2014 a 2017. Dichos movimientos se clasificaron en: animales de alto valor genético que se envían desde granjas de genética hacia otras granjas, animales transportados hacia o desde un mercado, animales enviados hacia engordes y animales enviados a matadero. Se realizó un análisis de redes sobre los primeros tres tipos de movimientos, ya que el último posee poco impacto en la diseminación de enfermedades entre granjas. Se calcularon medidas descriptivas, de centralidad y cohesión de cada red y para cada año. Para determinar si la topología de la red era de ‘mundo pequeño’ se comparó con una red aleatoria simulada de Erdős–Rényi. Se calculó la tasa básica de reproducción ( $R_0$ ) para la red de genética, se identificaron aquellas granjas que podrían actuar como súper-diseminadoras y se evaluó su bioseguridad. Los resultados evidenciaron 3 grupos de granjas: el primero se caracterizó por aplicar medidas de prevención para la entrada de personas, camiones y otros vehículos y los otros dos aplican un bajo número de medidas. El resultado del análisis de riesgo evidenció que las granjas argentinas no están preparadas para la entrada de un patógeno como DEPV ya que existe una falta de aplicación de las medidas de bioseguridad adecuadas. Los resultados también mostraron la necesidad de mejorar la bioseguridad de las granjas de alto valor genético, ya que éstas son el ápice de la pirámide productiva y pueden ser claves en la diseminación de enfermedades. El análisis de redes mostró que la introducción de un patógeno en las granjas de genética resultaría en una rápida diseminación dentro de la población argentina de cerdos. Se identificaron 31 granjas como súper-diseminadoras para los 4 años, mientras que 55 fueron súper-

diseminadoras al menos un año, sobre un promedio de 1613 granjas/año. La eliminación de menos del 5% de las granjas con mayor centralidad consiguió reducir el  $R_0$  un 90% resaltando así la importancia de este grupo de granjas en la diseminación de enfermedades a través del movimiento de animales. El nivel de bioseguridad de este grupo de granjas (súper-diseminadoras) resultó ser muy bajo en muchas de ellas, constituyendo por tanto un riesgo de introducción y dispersión de patógenos en el territorio. Estos resultados resaltan la importancia de establecer programas de intervención y vigilancia dirigida y enfatizan la necesidad de mejorar la bioseguridad de las granjas argentinas, particularmente de las identificadas como súper-diseminadoras.

## SUMMARY

In Argentina, pig industry is growing very fast with an increasing need for replacement animals, feedstuff and transportation. One of the main competitive advantages of the Argentinian pig industry is its health status, being free of most major pig diseases. Within this context, to avoid the introduction and spread of exotic pathogens is critical. The aims of the present thesis were to assess the biosecurity of Argentinian pig farms and to evaluate how movements of pigs could contribute to disease spread. The thesis focused in industrial pig farming. In the first part, all official suppliers of high-genetic-value ( $n=110$ ) and a sample of commercial farms ( $n=192$ ) were assessed for its biosecurity status. Data on the external and internal biosecurity practices applied on the farms was collected by means of a questionnaire. Data were analysed using a correspondence and a hierarchical clustering analyses, which allowed identification of types of farms regarding the biosecurity measures applied. Key variables characterizing the clusters were identified through an indicator value analysis. In addition, the external biosecurity of the farms was evaluated by using risk assessment tools with respect to the potential introduction of porcine epidemic diarrhoea virus (DEPV). Then, the movement data for the 2014-2017 period were obtained and categorized as follows: animals of high genetic value sent from registered breeder suppliers to other farms, animals transported to or from markets, animals sent to finisher operations and animals sent to slaughterhouses. A network analysis was carried out considering only the first three movement types, since the latter is expected to have little impact on disease spread. First, descriptive, centrality and cohesion measures were calculated for each movement type and year. Next, to determine if networks had a small-world topology, these were compared with the results from random Erdős–Rényi network simulations. Then, the  $R_0$  value of the genetic network was calculated to identify farms acting as super-spreaders. Finally, their external biosecurity scores were evaluated. Results made evident three clusters: the first one which, applied several barriers to prevent the entry of people, trucks and other vehicles, and the two other groups which applied a lower number of external and internal biosecurity measures. The results of the risk assessment showed that most Argentinian farms were not prepared for the contingency of a pathogen such as DEPV and lacked the adequate biosecurity measures to avoid the introduction of an enteric virus. Special efforts to improve biosecurity should be made in suppliers of high-genetic-value gilts with poor biosecurity since they are at the top of the pig production chain and can be key for the spread of diseases. The network analysis indicated that the introduction of a pathogen in a genetic supplier would probably result in a rapid spread within the population since the network had a scale-free and small world topology. In addition, 31 farms were identified as super-spreaders for all years,

while other 55 were super-spreaders at least once, from an average of 1,613 farms per year. Interestingly, removal of less than 5% of the farms with higher degree and betweenness resulted in a >90% reduction of  $R_0$  indicating that just a few farms have a key role in disease spread. When biosecurity scores of the most relevant super-spreaders were examined, it was made evident that many of them were far from applying adequate mitigation measures being thus the risk of introducing new pathogens that would rapidly spread across the whole of Argentina's pig production network. These results highlight the importance of establishing targeted surveillance and intervention programs, emphasizing the need for better biosecurity scores in Argentinian farms, particularly in the identified super-spreaders.

# **1.INTRODUCCIÓN**

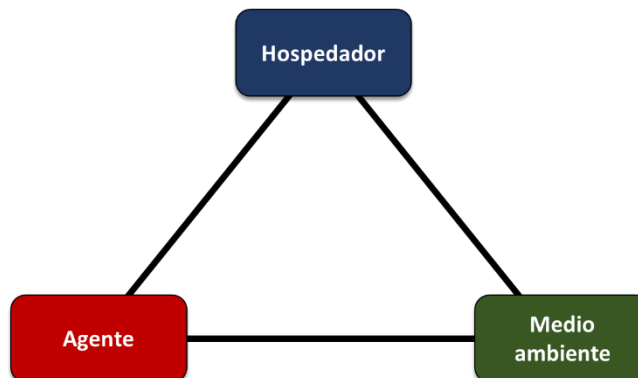


## 1.1. TRANSMISIÓN DE ENFERMEDADES

### 1.1.1. Conceptos generales sobre la transmisión de enfermedades.

En general, la transmisión de agentes patógenos entre animales sigue varias fases: i) entrada en el hospedador; ii) replicación (con o sin enfermedad aparente) y iii) salida del hospedador (excreción del patógeno). Aunque las vías de entrada y excreción son limitadas y los mecanismos de replicación suelen seguir patrones conocidos, los elementos que influyen en la transmisión pueden ser particulares para cada microorganismo y deben tenerse en cuenta por lo tanto en el diseño de medidas de prevención y control. En general, estos factores se pueden agrupar en aquellos relacionados con el hospedador, los relacionados con el microorganismo y los relacionados con el medio ambiente, lo que suele denominarse la tríada ecológica de la enfermedad. Este concepto ha sido usado en epidemiología de forma intuitiva desde la década de 1920 pero fue formalizado por Frost (Frost, 1976).

**Figura 1. Tríada ecológica de la enfermedad.** En el concepto de tríada ecológica de la enfermedad, se considera que la enfermedad es el resultado de un desequilibrio que favorece al agente patógeno.



Con relación al hospedador, la especie, el trasfondo genético, el sexo o el estado de inmunidad suelen ser algunos de los factores que corrientemente influyen en la susceptibilidad del animal a un patógeno concreto. Con relación al microorganismo, la virulencia y estabilidad suelen ser los factores que influirán en su transmisión. Con relación al medio ambiente, las condiciones de temperatura, humedad, etc. pueden ser factores importantes para permitir la supervivencia del patógeno o de sus potenciales vectores. En algunos casos, los factores que determinan la transmisión son el resultado de complejas combinaciones de elementos dentro de un ecosistema. Por ejemplo, aunque una virulencia incrementada suele verse como un obstáculo para la pervivencia del patógeno en una población a veces, resulta favorable en un contexto determinado.



### 1.1.2. Formas de transmisión de las enfermedades

En cuanto a los mecanismos de transmisión de los agentes patógenos, los principales tipos de transmisión podrían agruparse de la siguiente manera (Dunowska, 2018; Thrusfield, 2005):

- **Transmisión por contacto:** resulta del contacto estrecho entre animales infecciosos y susceptibles ya sea de forma directa o indirecta. Este contagio, puede producirse de diferentes modos: por ingestión, por inhalación, etc. La ingestión es especialmente importante en enfermedades causadas por microorganismos que producen diarrea ya que la mayoría de ellos se eliminan por las heces en grandes cantidades contaminando el medio ambiente. Este tipo de transmisión se conoce como transmisión fecal-oral. La inhalación es común para los patógenos respiratorios y algunos sistémicos. Estos agentes pueden ser excretados en forma de aerosoles (gotas de Flüger) ya sea al toser o con la respiración normal. Dichos aerosoles infectados también se pueden generar desde la materia fecal, polvo, corrales de los animales o durante diversas actividades zootécnicas.
- **Transmisión aerógena:** el concepto de transmisión aerógena puede aplicarse a la transmisión de agentes por aerosoles respiratorios a cortas distancias, pero más a menudo aplica a la transmisión a largas distancias producidas por el transporte aéreo de agentes patógenos. Para que ocurra esta transmisión por aerosoles, el patógeno debe estar presente en el aerosol y permanecer infeccioso cuando llega al huésped susceptible.
- **Transmisión por fómites:** es la que se produce por el contacto con objetos contaminados como instrumental, vestimenta, equipamiento, etc. Este concepto puede extenderse al consumo de agua o alimentos contaminados.
- **Transmisión sexual:** se producirá durante el coito o a través del contacto con fluidos o secreciones del aparato genital. Puede darse durante la monta natural o la inseminación artificial.
- **Transmisión por vectores:** hace referencia a la transmisión de agentes patógenos por invertebrados que pueden actuar mecánicamente, meramente transportando de forma pasiva al patógeno, o biológicamente; es decir, en aquellos casos en los que el patógeno se multiplica o cambia de fase en ellos y eso es un requisito para la transmisión.
- **Transmisión iatrogénica:** iatrogénico significa literalmente “creado por el médico”. Este concepto se relaciona con las enfermedades causadas por procedimientos o materiales usados en la práctica médica, humana o veterinaria.

- **Transmisión vertical o transplacentaria:** se produce desde la madre al feto durante la gestación o en el momento del parto. La transmisión en el período neonatal a veces se considera como vertical, aunque técnicamente no lo es.

### 1.1.3. Vías de ingreso de los agentes patógenos en las granjas.

La forma más frecuente de ingreso de un nuevo patógeno en una explotación es por el ingreso de animales infectados. En la actualidad, en las granjas de alta productividad que desean mantener un progreso genético, las tasas de reposición pueden alcanzar fácilmente el 50% anual, por lo que la entrada de animales desde el exterior es elevada y periódica. Esto representa un riesgo sanitario importante para la introducción de nuevos patógenos tales como la influenza (Allerson *et al.*, 2013) o el síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRS) (Corzo *et al.*, 2010; Zimmerman *et al.*, 2012, revisado por Pileri y Mateu, 2016). Cuanto más diverso sea el origen de los animales y más frecuentes sean las entradas, mayor será la posibilidad de introducción de patógenos.

Otra vía frecuente de introducción de nuevas enfermedades son los vehículos, en particular aquellos que transportan animales. Dado que los costes del transporte son elevados, resulta relativamente frecuente que un mismo camión pueda recoger o entregar animales en distintas granjas en una sola jornada de transporte. El riesgo de introducción a través de los camiones de alimento puede ser importante en la transmisión de determinadas enfermedades como se ha observado por ejemplo con la diarrea epidémica porcina (Dee *et al.*, 2016) aunque se considera inferior al asociado a los camiones de transporte de animales.

El principal problema con los camiones deriva de la no-restricción de usos (por ejemplo, el uso compartido por lotes distintos de animales) y de la falta de procedimientos adecuados de limpieza y desinfección. Este último no es fácil de lograr en camiones de uso continuo o en climas fríos cuando las temperaturas permanecen por debajo de la congelación durante largos períodos de tiempo. La contaminación vehiculada por las ruedas, aunque puede tener un papel en la transmisión desempeña un papel secundario a los elementos mencionados.

Con relación a las personas, el conductor del camión, que carga y descarga a los animales, constituye también un riesgo ya que puede contaminar sus botas y ropa y reintroducir la contaminación en la caja del camión o, si entra en la granja, contaminar sus instalaciones. Esta vía se ha considerado importante en algunos casos como el virus de la peste porcina clásica (PPC) en los Países Bajos en 1997/98 (Elbers *et al.*, 2001) o en la epidemia de diarrea epidémica en USA en 2013-14 en la que se

calculó que al menos un 5% de los camiones se contaminó en el proceso de carga y descarga (Lowe *et al.*, 2014).

En general, los fómites (botas, ropa, etc.) o las personas, actuando como vehículos, pueden participar también de forma significativa en la transmisión de diversos patógenos del cerdo como Salmonella, PRRSV, TGEV, Brachyspira o Lawsonia (Alvarez *et al.*, 2001; Carlson *et al.*, 2012; Dee *et al.*, 2002; Dee *et al.*, 2003; Fedorka-Cray *et al.*, 1997; Hampson *et al.*, 2012; McOrist *et al.*, 2012; Pitkin *et al.*, 2009a,b; Saif *et al.*, 2012; Zimmerman *et al.*, 2012). Los protocolos básicos de higiene, que incluyen el cambio de ropa y calzado, y el lavado de las manos o la ducha, pueden limitar la introducción de algunos patógenos, como el virus del PRRS (Otake *et al.*, 2002a, Pitkin *et al.*, 2009b), el virus de la gastroenteritis transmisible (TGE) (Alvarez *et al.*, 2001) o *E. coli* (Amass *et al.*, 2003). Las personas también pueden actuar como introductores de enfermedades comunes a personas y animales. Este es el caso de la influenza. De hecho, los virus H1N1 clásicos o la introducción original de H3N2 tuvieron un origen humano al igual que el virus pandémico H1N1 de 2009 (Revisado por Rajao *et al.* 2019).

El agua puede llegar a ser una fuente de introducción de patógenos. Una enfermedad que clásicamente se ha relacionado con la contaminación del agua es la leptospirosis. Leptospiras de las ratas y otros animales pueden contaminar las corrientes de agua o, incluso, las ratas pueden ser ingeridas por los cerdos. Además, la mayoría de patógenos que siguen un ciclo de transmisión fecal-oral pueden vehicularse a través del agua. De forma similar, el alimento puede ser vehículo de transmisión de patógenos, por ejemplo, *Salmonella* (Davies *et al.*, 2013).

Con relación a la importancia de la transmisión aerógena como vía de infección de las granjas se sabe que diversos agentes pueden transportarse por el viento a varios kilómetros en condiciones climáticas adecuadas. Por ejemplo, para el virus de la fiebre aftosa se ha demostrado la diseminación por el aire hasta 300 Km sobre el mar y hasta 70 Km sobre la tierra (Christensen *et al.*, 2005; Gloster *et al.*, 1982). En el caso del virus de la enfermedad de Aujeszky o del PRRSV se ha demostrado transporte aéreo hasta 9 Km sobre la tierra (Christensen *et al.*, 1990). En cuanto a las infecciones bacterianas, es menos probable que sean transportadas con el viento con algunas excepciones, por ejemplo, *Mycoplasma hyopneumoniae*, causante de la neumonía enzoótica, puede ser transportado al menos 9 km (Otake *et al.*, 2010).

Algunas vías de ingreso menos probables pero importantes en casos concretos, son otros animales como las aves, gatos, perros y otros animales o insectos no parásitos.

Algunas especies de aves se han asociado con brotes de enfermedad. Por ejemplo, en un estudio se estimó que alrededor de un 30% de los brotes nuevos de TGE fueron causados por estorninos (Pilchard E, 1965). También se ha involucrado a las aves en la diseminación de enfermedades como mal rojo, salmonelosis, *Lawsonia intracellularis* y *E. coli* (Pearson *et al.*, 2016; Skov *et al.*, 2008; Wood y Shuman, 1981) y pueden actuar como reservorio perpetuando la circulación en la granja.

Las ratas y ratones son abundantes en las granjas de cerdos ya que poseen alimento y un ambiente favorable para su vida. Estos animales pueden ser portadores de numerosos patógenos que afectan al cerdo como algunos serovares de *Salmonella*, *Leptospira*, *Yersinia pseudotuberculosis*, *Toxoplasma gondii*, *Campylobacter spp*, *Brachyspira hyodysenteriae* y *Brachyspira pilosicoli*, *Lawsonia intracellularis* o el virus de la encefalomiocarditis (Andrés-Barranco *et al.*, 2014; Backhans *et al.*, 2012; Fellström *et al.*, 2002; Gabardo *et al.*, 2017; Ospina Pinto *et al.*, 2017; Pearson *et al.*, 2016). Generalmente, el ratón doméstico tiene un radio de acción de 25 a 150 m de diámetro y las ratas pueden moverse a 3 km de distancia en una noche (Akande, 2008; Backhans *et al.*, 2012) por lo tanto, su papel en la transmisión entre granjas es limitado. Sin embargo, tanto ratas como ratones pueden ser transportados de forma inadvertida entre las granjas en los camiones (Muirhead y Alexander, 1998).

Los animales domésticos tanto de producción como mascotas constituyen cierto riesgo de ingreso y/o diseminación de patógenos dentro de una granja. Los gatos y perros pueden infectarse por el virus de la TGE y eventualmente lo podrían transmitir a los cerdos (Larson, 1979; Saif *et al.*, 2012). Los gatos son portadores frecuentes de *Bordetella bronchiseptica* (Egberink *et al.*, 2009) y de *Toxoplasma gondii* (Hartmann *et al.*, 2013).

El jabalí merece un capítulo aparte. Al tratarse de hecho de la misma especie que el cerdo doméstico, comparte las mismas enfermedades y, aunque a menudo se infecta a partir de los animales de explotaciones comerciales, en ocasiones pueden introducir enfermedades en las granjas. La PPC o la peste africana son casos evidentes de esta posibilidad (Jurado *et al.*, 2018; Meng *et al.*, 2009).

Con respecto a los insectos, las moscas pueden actuar como vectores mecánicos, aunque su reducido radio de vuelo (2-3 km) limita su papel epidemiológico en la dispersión de patógenos. Algunos estudios han mostrado que *Streptococcus suis* podría diseminarse por esta vía. También se ha sugerido que las moscas pueden transmitir otras infecciones de los cerdos incluyendo *Brachyspira* y PRRSV (Amass y Baysinger, 2006; Otake *et al.*, 2003).

Finalmente, la proximidad a otras explotaciones porcinas vecinas puede suponer un riesgo. Este es un concepto algo vago que pretende reflejar la agrupación espacial de casos que se observa en las enfermedades transmisibles, aunque en muchos casos, no pueda demostrarse la vía concreta por la que se produjo la transmisión. Diferentes estudios muestran que las distancias mínimas entre granjas de alta salud deberían de ser de 3,2 km (2 millas) (Muirhead y Alexander, 1998; Otake *et al.*, 2010; Zimmerman *et al.*, 2012). Torremorell *et al.* (2004) atribuyeron un 80% de nuevas infecciones del PRRSV en granjas comerciales negativas a la diseminación desde vecinos.

#### **1.1.4. Transmisión dentro de las granjas**

Dentro de las granjas la mezcla o el traslado de cerdos entre lotes, la circulación del personal y herramientas o equipos, así como los roedores, moscas, y la difusión aerógena por polvo y aerosol son las vías de diseminación que se consideran más importantes.

En las granjas pequeñas, es difícil que se pueda disponer de espacio e instalaciones adecuadas para que los diferentes grupos de producción no tengan contacto entre ellos. Esto favorece la transmisión de patógenos entre las mismas. Dentro de cada una de las fases de producción, la mezcla de animales entre lotes distintos o incluso dentro de un mismo lote es importante. Un ejemplo clásico de esto es la práctica de la adopción, que aun cuando se realiza entre cerdas de un mismo lote de partos se considera que es un elemento importante para la diseminación temprana de patógenos como el PRRSV. Por ello la instauración de un sistema todo dentro/todo fuera o medidas como las propuestas por Monte McCaw bajo el acrónimo McRebel (Management Changes to Reduce Exposure to Bacteria to Eliminate Losses) (McCaw, 2000) se consideran básicas para el control y prevención de enfermedades. La circulación sin restricciones del personal de la granja entre distintas fases (sin el cambio de botas y ropa entre fases, lavado de manos, etc.) puede ser una forma continua de transmisión de patógenos dentro de la misma. Personal que trabaja en reparaciones de las instalaciones o maquinaria también tiene un papel similar al descrito en el presente párrafo.

La contaminación de las instalaciones tiene un papel muy importante en la diseminación de las infecciones dentro de la granja. Esto es particularmente importante para las infecciones que se transmiten por las heces.

Por último, cabe citar la transmisión iatrogénica como una vía importante de diseminación. Particularmente grave es la transmisión producida por el hecho de usar las mismas agujas para tratar

o vacunar distintos animales. Materiales de uso común en la granja (pinzas para colocar crotales, lazos, etc.) pueden ser potenciales vías de transmisión interna en la granja.

### **1.1.5. Tasa básica de reproducción y tasa de diseminación entre granjas**

En términos epidemiológicos, la transmisibilidad de un patógeno en una población viene determinada por las proporciones de susceptibles, contagiosos y no susceptibles que forman parte de la población. Clásicamente se hace referencia al teorema de Kendall para explicar este concepto. Este teorema indica que se precisa de una densidad mínima de susceptibles (umbral de Kendall) en una población para que se produzca la transmisión. Esta densidad varía para cada enfermedad (Kendall, 1957). En unas condiciones determinadas de densidad de susceptibles y en un contexto concreto, la enfermedad progresará en forma de epidemia si un individuo contagioso es capaz de transmitir la enfermedad durante su periodo de contagiosidad a más de un individuo de promedio. Esta idea, desarrollada por Ross (1911) y McDonald (1952) corresponde a la denominada tasa básica de reproducción ( $R_0$ ). Este mismo concepto se puede aplicar a la transmisión entre granjas e ilustra la probabilidad de transmisión de un patógeno desde una granja a la otra bajo un concepto que se conoce como tasa de diseminación (Miller, 1976).

Del mismo modo que la tasa básica de reproducción no es una característica de cada patógeno ya que, como hemos mencionado, depende de las condiciones epidemiológicas, la tasa de diseminación depende de las condiciones epidemiológicas. Sin embargo, es cierto que unos patógenos suelen diseminarse de forma más sencilla que otros por lo que resultan en tasas de diseminación más altas.

## **1.2. Bioseguridad**

### **1.2.1. El concepto y la importancia de la bioseguridad**

El desarrollo tecnológico de la producción animal y la tendencia hacia la transformación de las empresas ganaderas en una economía de escala, han producido el predominio de explotaciones intensificadas con un gran número de animales. En este contexto, la introducción de una enfermedad nueva en la granja puede adquirir dimensiones catastróficas. Como consecuencia de ello, la percepción de la enfermedad ha ido transformándose desde la de una entidad que afecta al individuo hacia una cuestión poblacional. En consecuencia, la prevención de enfermedades en el colectivo se

percibe actualmente como uno de los elementos más importantes de la producción animal y gana cada vez más importancia frente a la medicina del animal individual (Woods, 2011).

La bioseguridad se puede definir como la aplicación de medidas que reducen el riesgo de introducción y propagación de patógenos (Barceló y Marco, 1998; FAO, 2008). Cuando las medidas se refieren a la reducción del riesgo de introducción, se suele hablar de bioseguridad externa mientras que cuando las medidas afectan a la reducción de la diseminación de patógenos en la granja, se habla de bioseguridad interna. A estas dos categorías se le puede añadir una tercera, la bio-contención, que se compone de las medidas que impiden o dificultan la salida de patógenos de la granja y que está asociada a la bioseguridad externa. En general, la bioseguridad externa se conoce mejor y las medidas relativas a ella se aplican con mayor frecuencia que las de la bioseguridad interna (Pandolfi *et al.*, 2018; Postma *et al.*, 2016b).

En el contexto descrito anteriormente, la bioseguridad es una parte fundamental de los programas de prevención y control de enfermedades (Dewulf y Van Immerseel, 2018) y, en consecuencia, de la producción animal.

De modo general, la bioseguridad se fundamenta en evitar la transmisión de agentes patógenos, limitando el contacto entre animales infectados, o los materiales infecciosos y los animales susceptibles, así como en reducir la presión de infección dentro de una población. Por lo tanto, la selección de las medidas aplicables frente a un patógeno deriva directamente del conocimiento de la epidemiología de dicho patógeno; principalmente de las vías y modos de transmisión, la contagiosidad de los animales infectados y de la estabilidad del agente en el medio (FAO, 2010). Desafortunadamente, para muchos patógenos sólo existe un conocimiento superficial de la epidemiología sin que se sepan con precisión muchos de estos aspectos.

La elaboración de un panel de medidas técnicas que potencialmente fueran eficaces para evitar la entrada de un patógeno o limitar su dispersión dependerá de lo que se conozca acerca de su epidemiología, pero, en cualquier caso, dado que las formas en las que se puede transmitir un patógeno son limitadas, siempre pueden suponerse medidas que pudieran ser eficaces para la mayoría de los casos. Además, también es importante considerar los aspectos sociales, económicos e incluso psicológicos de las medidas propuestas, ya que su aplicación práctica dependerá de ellos (FAO, 2010).

En el caso de las explotaciones porcinas la falta de medidas de bioseguridad se ha asociado a brotes causados por la introducción de distintos agentes patógenos exóticos en el país afectado tales como

la fiebre aftosa, la PPC, la enfermedad de Aujeszky o la diarrea epidémica porcina (PED) (Amass *et al.*, 2004; Dekker *et al.*, 2014; Elbers *et al.*, 2001; Ellis-Iversen *et al.*, 2011; Kim *et al.*, 2017; Lowe *et al.*, 2014; Olugasa y Ijagbone, 2007). A priori, debería entenderse que la introducción en un país de un patógeno exótico conocido previamente delata un fallo en el control de fronteras que ha permitido el ingreso de dicho patógeno en el país. En estos casos, la bioseguridad externa será importante para limitar la dispersión del patógeno en el país o área afectada.

Las medidas de bioseguridad externa son la primera línea de defensa para evitar la introducción en la granja de patógenos endémicos en el país. Por ejemplo, en un estudio de los factores de riesgo para la enteropatía proliferativa y la disentería porcina (Cox *et al.*, 2016) se observó que el riesgo de sufrir brotes era mayor en aquellas granjas que permitían el acceso a los vehículos sin necesidad de limpieza o desinfección o en las que no se controlaba el estado sanitario de los orígenes de la reposición. De forma similar, Lewerin *et al.* (2015) observaron una reducción de la probabilidad de introducción de *Mycoplasma hyopneumoniae* y *Brachyspira hyodysenteriae* en granjas de ciclo cerrado y engordes, mediante el uso de ropa propia de la granja para las visitas, la higiene de camiones y el uso de un área exclusiva para los cadáveres, así como la cuarentena de los cerdos ingresados. Asimismo, Gazzonis *et al.* (2018) observaron que el riesgo de infección por *Toxoplasma gondii* disminuía en las granjas con buena bioseguridad externa. Otros estudios observaron que la mejora de la bioseguridad, como por ejemplo practicar el sistema todo-dentro/todo-fuera con buena limpieza y desinfección, tenía un impacto beneficioso en el control de enfermedades y en la salud de los cerdos (Amass y Clark, 1999, Postma *et al.*, 2016a; Scheidt *et al.*, 1990).

La aplicación de la bioseguridad también se ha relacionado en diferentes trabajos con el uso de antibióticos y la mejora del bienestar y productividad de la granja. En un estudio en granjas de ciclo cerrado realizado en Alemania, se observó un mayor uso de antibióticos en granjas con un bajo nivel de bioseguridad externa (Raasch *et al.*, 2018). Otro estudio realizado en granjas de reproductoras mostró que la mejora de la bioseguridad externa e interna durante un período de varios meses trajo como resultado la reducción del uso de antibióticos y el aumento del número de lechones destetados (Postma *et al.*, 2016a; Postma, 2017). Por su parte, Pandolfi *et al.* (2018) observaron que las granjas con menor ganancia diaria de peso y peor valoración en los indicadores de bienestar tenían niveles de bioseguridad más bajos. En este último estudio, se determinó que las granjas con peor bioseguridad interna tenían una mayor proporción de lesiones pulmonares diversas incluyendo las asociadas a neumonía enzótica, pleuritis y pleuroneumonía, de lesiones hepáticas, de casos de caudofagia y de abscesos. En otro estudio se observó una reducción de costes y una disminución en la mortalidad tras



aplicar medidas de bioseguridad y reducir el uso de antibióticos (Rojo-Gimeno *et al.*, 2016). De forma similar, Maes *et al.* (2004) correlacionaron una menor mortalidad con una mejor bioseguridad. De todos modos, este tipo de asociaciones deben examinarse críticamente ya que la mortalidad no sólo se debe a causas infecciosas, sino que los determinantes ambientales son importantes. Así, en otros estudios (Laanen *et al.*, 2013; Pandolfi *et al.*, 2018) no se ha demostrado esta correlación.

Tomando las evidencias disponibles en su conjunto se puede considerar que un mayor nivel de bioseguridad se relaciona con animales más saludables y con un mejor bienestar por lo que la bioseguridad estaría relacionada con la rentabilidad y con la producción de carne más segura y sana (Ribbens *et al.*, 2008).

## **1.2.2. Principales medidas de bioseguridad**

### **1.2.2.1. Bioseguridad externa**

Las medidas de bioseguridad externa se dirigen fundamentalmente a evitar el contacto con fuentes externas de infección; es decir, al contacto con “el mundo exterior”. Para cualquier granja, el mayor riesgo de introducción de un patógeno va a estar en el ingreso de animales o semen desde el exterior seguido por aquellas entradas de potenciales fuentes de infección como personas o vehículos. Por lo tanto, el primer objetivo será reducir; en la medida de lo posible, la frecuencia y magnitud de esos contactos (Fèvre *et al.*, 2006).

Con respecto a la introducción de animales y en consideración al papel epidemiológico que desempeñan, la reposición y el semen serán los principales riesgos (Barceló y Marco, 1998; Corzo *et al.*, 2010; Bottoms *et al.*, 2013) Aquí se produce un conflicto entre el concepto, las medidas resultantes y su aplicación dentro de los actuales sistemas de producción. Si desde el punto de vista de la bioseguridad externa lo más seguro sería obtener una reposición interna, desde el punto de vista del control de enfermedades ya existentes en el sistema de producción esto favorece su perpetuación. Además, el cierre completo al ingreso de nuevos reproductores no es posible si se desea el progreso genético y con ello el avance constante en los parámetros productivos (PIC, 2015), así como tener un equilibrio en la inmunidad y reproducción del plantel de cerdas. Por otra parte, en los sistemas de producción actuales, particularmente en granjas grandes, la única forma de mantener una productividad adecuada es trabajar en sistemas de bandas (que suelen ser semanales o tri-semanales) con la consiguiente necesidad de adaptar la entrada de cerdas de reposición a la periodicidad de la

banda. Una alternativa para disminuir el número de entradas es hacer lotes mayores (por ejemplo, pasando de bandas semanales a tri-semanales) pero ello modifica sustancialmente la distribución de espacios y los flujos en la granja, lo que no siempre resulta posible. En cualquier caso, el ingreso de animales externos será más seguro mientras mayor sea el nivel sanitario del origen y mejores resulten los controles de los animales (Amass y Baysinger, 2006; Barceló y Marco, 1998). Respecto al semen, sucede algo parecido, el semen de origen externo es más seguro si las fuentes son confiables. A su vez, la cantidad de granjas de origen debe ser el mínimo posible, ya que el riesgo de introducción de enfermedades es mayor cuantos más orígenes distintos existan (Jorsal y Thomsen; 1988; Hege *et al.*, 2002).

Una vez que los animales llegan a la granja de destino la cuarentena es la medida de bioseguridad fundamental. En el caso de la reposición, se produce nuevamente un conflicto entre la medida y su aplicación práctica. La duración de una cuarentena va a depender de tres elementos: el periodo de incubación de las enfermedades cuya introducción quiere evitarse, su periodo de contagiosidad y del tiempo que se tarde en establecer un diagnóstico correcto del estado sanitario de los animales (Barceló y Marco, 1998; Dewulf y Van Immerseel, 2018). Por otro lado, la reposición antes de introducirse en la población de reproductoras debe adaptarse (Corzo *et al.*, 2010). Esta adaptación incluye desde una adaptación al sistema de comederos que tenga la granja hasta el desarrollo de inmunidad frente a los patógenos comunes existentes en la explotación. En la mayoría de los casos esta adaptación exige el contacto con los animales existentes en la granja. Si la reposición entra muy cercana en edad al momento de la primera cubrición, entonces será prácticamente imposible resolver este conflicto entre el tiempo de cuarentena necesario y el tiempo de adaptación.

Técnicamente, las cuarentenas deberían ser instalaciones de funcionamiento independiente que contaran con materiales, herramientas, ropa y calzado propios y exclusivos, así como con barreras físicas como una ducha de entrada. La cuarentena debería funcionar en un sistema de todo dentro todo fuera o, al menos, con un sistema que no permitiese el contacto entre animales de distintos lotes de entrada. Una forma habitual de poder hacer lotes grandes de reposición es la entrada de animales jóvenes (a partir del destete) de edades consecutivas que van a ir reponiendo escalonadamente en diferentes bandas. De todos modos, esto requiere mayores espacios y mayor nivel de bioseguridad interna.

Las cuarentenas deberían situarse fuera del perímetro de la granja. Habitualmente se cita que la localización ideal de la cuarentena es más de 1.000 metros de distancia de otras instalaciones con animales, puesto que evita todas las posibles transmisiones por contactos directos, algunas dadas por

contactos indirectos tanto por el circuito del personal de la granja y fómites, y la transmisión por vía aerógena de corta distancia (Desrosiers, 2011). Esta distancia se asume como de seguridad ya que reduce la transmisión aerógena de la mayoría de patógenos, es decir, raramente se ha reportado la transmisión a más de 3.2 km de distancia por el aire, con la excepción de algunos virus (Stärk, 1999) como Fiebre Aftosa, Aujeszky, PRRS y *Mycoplasma hyopneumoniae* (Amass y Baysinger, 2006; Desrosiers, 2011; Otake *et al.*, 2010; Woeste y Grosse Beilage, 2007)

Los animales en la cuarentena tienen que inspeccionarse periódicamente con el fin de detectar la presencia de algún signo clínico indicativo de enfermedad durante al menos 6 semanas (Pritchard *et al.*, 2005). Si tenemos en cuenta que este periodo de aislamiento y observación está relacionado con el período de incubación de las principales enfermedades de los cerdos en algunos casos necesitará ser modificarlo en base a una enfermedad específica, pudiendo ser un período de tiempo más extenso. En el caso de que se hayan incluido en la lista de enfermedades no deseadas algunas que pudieran cursar de forma inaparente o subclínica, se deberán tomar muestras (suero, materia fecal, hisopos nasales u otras, según corresponda) para su posterior análisis (Dewulf y Van Immerseel, 2018).

El riesgo asociado a las visitas se puede reducir inicialmente con una valla perimetral y una puerta de acceso cerrada que requiera la apertura desde la granja. Esta valla perimetral puede ser útil asimismo para evitar la entrada de animales desde el exterior. Además, una política clara de restricción de visitas va a resultar beneficiosa. No debería entrar en la granja nadie que no fuese estrictamente imprescindible. Para las personas que deban entrar, sería adecuado disponer de un registro y de medidas de barrera. El registro en sí no va a disminuir el riesgo de introducción de patógenos, pero actuará de forma disuasoria y servirá para identificar posibles fuentes de entrada de patógenos. Respecto a las medidas de barrera, la más eficaz y disuasoria es la ducha de entrada acompañada de uso de ropa y calzado exclusivo de la explotación. Esta simple medida evita la entrada de gran parte de los fómites habituales. Si ello no es posible, el lavado de manos, el cambio de ropa y no compartir material entre granjas es lo mínimo exigible. Asimismo, asegurar períodos de no-contacto con otros animales (normalmente a través de una declaración firmada en el registro de entrada) es eficaz.

Los datos disponibles indican que la aplicación de estas medidas ha sido de utilidad en diversas situaciones epidémicas. Por ejemplo, Amass *et al.* (2004) observaron que cuando el personal contaminado se duchaba no contribuía a la posterior difusión de la fiebre aftosa. Asimismo, durante la epidemia de PPC en los Países Bajos en 1997 y 1998 se observó que los principales factores de riesgo para la introducción de la enfermedad derivaban de la falta de medidas de bioseguridad tales como no usar ropa y botas suministrados por la granja (Elbers *et al.*, 2001). La importancia de estas

medidas también se ha observado en estudios sobre la transmisión del virus de influenza, PRRS o *E. coli* a través de botas, guantes, áreas de la piel contaminadas o ropa que estuvo en contacto con cerdos infectados (Allerson *et al.*, 2013; Amass *et al.*, 2004; Otake *et al.*, 2002a). Twomey *et al.* (2010) identificaron que compartir equipos entre granjas se asociaba con una mayor probabilidad de que la granja tuviera una prevalencia elevada de Salmonella.

El riesgo de transmisión de enfermedades entre granjas mediante los camiones o los conductores puede ser relevante. Este riesgo se origina en la contaminación por materiales biológicos tales como heces, fluidos orales, orina, etc. y puede resultar en la infección de los animales transportados si no se ha realizado una limpieza y desinfección previa al transporte. Asimismo, puede tener como consecuencia la contaminación de fómites como la ropa o el calzado de la persona que conduzca el camión (Elbers *et al.*, 2001). Así pues, aquí pueden establecerse distintas medidas para mitigar este riesgo. La primera sería delimitar para qué usos puede utilizarse un camión concreto. Un camión de transporte de animales “seguros” no debería utilizarse para transportes de riesgo. Por ejemplo, un camión destinado al transporte de reposición no debería ser utilizado para el transporte a matadero. Del mismo modo, un camión no debería recoger animales en distintas granjas ya que eso aumenta el riesgo de diseminación de patógenos. Por lo tanto, establecer una lista de “transportes y acciones permisibles” para cada camión, junto con el diseño de sus rutas sería la primera medida de mitigación del riesgo. En segundo lugar, y esto resulta crítico, la limpieza y desinfección de los camiones debe realizarse de una forma planificada y concienzuda.

La limpieza y desinfección de los camiones es una tarea muy complicada de llevar a cabo en la práctica (Arguello *et al.*, 2011; Mannion *et al.*, 2008). Existe un acuerdo más o menos general acerca de que para que esta limpieza y desinfección sean efectivas el proceso incluye la eliminación de la materia orgánica, la limpieza con agua, preferiblemente caliente y jabonosa o con desincrustante, el secado y la posterior desinfección con sustancias apropiadas (Canadian Swine Health Board, 2010; CATGP, 2018; Dee *et al.*, 2004;). Los principales problemas surgen de la dificultad de eliminar los residuos orgánicos de esquinas y recovecos en la caja del camión y del secado de los camiones. En invierno, particularmente en climas fríos, el secado natural de un camión puede tomar días. Para ello se han diseñado alternativas como el secado por aire o las cajas calefactadas (Dee *et al.*, 2004; Dee *et al.*, 2007; Pitkin *et al.*, 2009b).

Un tercer aspecto ligado a la difusión de patógenos por los transportes hace referencia a la entrada de los conductores en las explotaciones (Elbers *et al.*, 2001). Esto representa un riesgo importante ya que los conductores, particularmente en casos en los que los camiones no tienen un uso planificado,

entran en contacto con muchas granjas. La principal vía de mitigación de este riesgo es el establecimiento claro de zonas limpias y sucias con barreras para la entrada de personas (por ejemplo, compuertas que sólo permiten el paso de animales, silos en el exterior del perímetro de la granja, etc.).

Diversos estudios han puesto de relieve la importancia de los camiones como fuente de introducción de patógenos. Por ejemplo, Lowe *et al.*, (2014) observaron que el 5% de los camiones se contaminaban con el virus de la diarrea epidémica porcina en el proceso de descarga y que, por tanto, la reducción del contacto entre el chofer y las naves de los animales era una importante medida de disminución del riesgo. En la epidemia de PPC en los Países Bajos mencionada anteriormente también se observó que uno de los factores de riesgo importante fue que el conductor del camión utilizase su propio calzado (Elbers *et al.*, 2001). En un estudio realizado en 61 granjas de cerdos irlandesas se observó que las políticas que no permitían el acceso a la granja del camión de alimentos disminuían la seroprevalencia de *Salmonella* (Argüello *et al.*, 2018). En un modelo de transmisión de PRRS realizado en Canadá, la introducción de la transmisión por camiones resultó en un aumento del 44% en el tamaño de la epidemia (Thakur *et al.*, 2015).

Otras vías de introducción de enfermedades, de menor importancia global, aunque relevantes en casos particulares, son la entrada de animales domésticos o silvestres y la transmisión por proximidad a través del aire. Respecto a los animales domésticos, en la granja no deberían tenerse ni perros ni gatos dentro del perímetro de ésta. Una valla perimetral puede evitar el ingreso de perros y gatos vagabundos, así como de jabalíes. Estos últimos constituyen un peligro por el riesgo de introducción de diversas enfermedades. Aunque los jabalíes son principalmente receptores de las enfermedades presentes en los cerdos domésticos su papel en la reintroducción de algunas enfermedades parece claro (Meng *et al.*, 2009). Este sería el caso de la PPC en la que los jabalíes parecen ser un reservorio eficaz (revisado por Moennig, 2015). Asimismo, para otras enfermedades como la peste porcina africana los jabalíes constituyen un riesgo claro de introducción ocasional de la enfermedad en las explotaciones comerciales o familiares (Guinat *et al.*, 2016; Sugiura y Haga, 2018). Otras enfermedades que pudieran introducirse por jabalíes incluirían la enfermedad de Aujeszky o la brucelosis (Charrier *et al.*, 2018).

Otros animales que se han relacionado con la introducción de enfermedades en las granjas de cerdos son las aves. Al menos dos enfermedades importantes, gastroenteritis transmisible e influenza, pueden ser introducidas por aves (Pilchard, 1965). También se ha relacionado a las aves con la diseminación de enfermedades como el mal rojo y la salmonelosis (Wood and Shuman, 1981; Skov *et al.*, 2008).

La principal medida de bioseguridad será la colocación de telas pajareras en ventanas y mantener las puertas cerradas para evitar la entrada y nidación de pájaros. Por otra parte, los silos y los depósitos de pienso deben mantenerse cerrados para evitar el acceso de las aves y su contaminación por heces. Esto puede ser importante en el caso de Salmonella (Andrés-Barranco *et al.*, 2014).

Respecto a la transmisión aerógena, la mayoría de patógenos sólo puede transmitirse a distancias de unos cientos de metros. Sin embargo, en el caso del porcino esta transmisión por aire puede ser importante para algunas enfermedades como fiebre aftosa, enfermedad de Aujeszky, PPC, PPRS y neumonía enzoótica, para las cuales se ha documentado la transmisión por aire a kilómetros de distancia (Christensen *et al.*, 1990; Christensen *et al.*, 2005; Dee *et al.*, 2009; Elbers *et al.*, 2001; Gloster *et al.*, 1982; Otake *et al.*, 2002b; Otake *et al.*, 2010; Schley *et al.*, 2009). Las medidas destinadas a evitar esta transmisión son básicamente medidas de barrera. La más simple es levantar un seto o plantar una arboleda que actúe como una barrera en la dirección más frecuente del viento en la zona. Una aproximación más sofisticada es la instalación de filtros HEPA en las entradas de aire. Esto requiere una inversión elevada de dinero, aunque ha sido efectivo en reducir el número de reintroducciones del virus en granjas norteamericanas (Alonso *et al.*, 2013).

### **1.2.2.2. Bioseguridad interna**

Como ya hemos mencionado anteriormente, la bioseguridad interna va dirigida a mitigar la diseminación de patógenos una vez que la granja ya se ha infectado. Dichas medidas se pueden agrupar en: medidas relacionadas con el manejo, con las instalaciones, con la higiene, limpieza y desinfección y con el personal.

Respecto al manejo, el principal objetivo de la bioseguridad interna es el control del flujo de animales con el fin de evitar la mezcla de animales de distintos grupos etarios. Habitualmente, se considera fundamental evitar los movimientos en contra del flujo de producción, lo que se consigue básicamente con la aplicación estricta de un sistema todo-dentro/todo-fuera que suele complementarse con la limpieza y desinfección de las instalaciones en las que ingresan los nuevos lotes de animales. La eficacia de estas medidas se traduce en una reducción de la circulación de patógenos (Amass y Baysinger, 2006). Por ejemplo, en un estudio llevado a cabo en granjas de ciclo cerrado en Francia se observó una reducción de la prevalencia de Salmonella en el matadero, cuando se realizó correctamente dicha medida entre lotes (Lurette *et al.*, 2011). Sin embargo, a veces no resulta suficiente este control del flujo. Por ejemplo, para aquellas enfermedades en las que puede suceder la

transmisión en las maternidades, las adopciones, incluso entre cerdas de un mismo lote de partos son una fuente importante de diseminación de la enfermedad. Esto se ha demostrado para el virus del PRRS (McCaw 2000) y, de hecho, limitar las adopciones es una de las medidas que se suelen implantar durante un brote de PRRS en las maternidades.

Otro aspecto importante que considerar dentro de las medidas de manejo es el hecho de que las cerdas son el reservorio de muchos de los patógenos presentes en la explotación. Desde finales de la década de 1970, se empezaron a estudiar sistemas de destete precoz basados en la idea de que determinados patógenos se transmitían de la madre a sus hijos en determinados momentos. La separación de los lechones de la madre de forma temprana evitaría esta transmisión y consiguientemente reduciría o incluso eliminaría la presencia de determinadas enfermedades (Alexander *et al.*, 1980; Harris *et al.*, 1988; Harris *et al.*, 1990). Estas técnicas, aunque son parcialmente eficaces, son lesivas para el bienestar del lechón y en Europa contravienen las normas de bienestar comunitarias.

De forma general se considera que las instalaciones deben contribuir a reducir la transmisión de enfermedades o, como mínimo a no facilitar su propagación. Un aspecto muy básico sería el diseño de estas. En explotaciones mal diseñadas o poco planificadas resulta relativamente habitual que los animales tengan que moverse en la carga, descarga o cambio de fase de tal modo que animales de distintas edades puedan tener contacto. Asimismo, es importante que las instalaciones permitan una organización del trabajo correcta y, hasta cierto punto, obliguen a respetar una separación entre las distintas fases o edades presentes en la granja. Esto puede conseguirse con barreras físicas tales como puertas, pediluvios o zonas intermedias para lavarse las manos y cambiarse las botas. Sin embargo, todas estas medidas de barrera suelen dificultar las rutinas de trabajo. En ocasiones pueden pintarse las distintas zonas con distintos colores y utilizar ropa y botas del color correspondiente para dificultar la violación de la norma de no contacto entre distintas fases de producción a contraflujo.

La propia naturaleza de los materiales de los que están hechas las instalaciones resulta importante. Habitualmente se citan las separaciones y el suelo como los elementos más importantes. Por ejemplo, se conoce que las separaciones discontinuas entre corrales facilitan la transmisión de los patógenos respiratorios mientras que las separaciones sólidas facilitan la transmisión de patógenos entéricos (Gonyou, 2006). Por otra parte, algo similar sucede con los suelos, particularmente en las maternidades. Mientras que los suelos metálicos y plásticos son más limpios, tienen un impacto negativo sobre el confort. Los lechos de paja son muy confortables, pero favorecen la presentación de diarreas (Amass y Baysinger, 2006).

Dentro de este capítulo de instalaciones se debería añadir también el sistema de ventilación ya que una ventilación inadecuada contribuye al aumento de la carga microbiana ambiental, en particular para los patógenos respiratorios.

Por lo que respecta a las medidas higiénicas, el elemento más básico es la limpieza y desinfección de los corrales. De forma similar a lo que sucede con los camiones, los corrales deberían limpiarse primero eliminando los restos orgánicos, después deberían lavarse con agua jabonosa y, tras el enjuague y secado debería procederse a la desinfección. La segunda medida higiénica fundamental afectará a la administración de vacunas y fármacos. Las agujas deberían cambiarse entre individuos, aunque esto resulta poco frecuente en la práctica. Lo mínimo exigible sería un uso individualizado en cerdas y un cambio cada camada o corral.

Por último, respecto al personal, las principales medidas de bioseguridad atañen a su actuación como fómites dentro de la granja (Pitkin *et al.*, 2009b). Es fundamental la asignación clara de rutinas de trabajo con indicación de cuáles son las áreas en las que cada trabajador debe estar. Por ejemplo, un trabajador de la zona de engorde no debería ir a una maternidad. Además de esta asignación de rutinas y zonas de trabajo debe disponerse de ropa y calzado propios de cada zona, con unos criterios claros de cuando cambiarse. Por último, las medidas como el uso de guantes, los pediluvios y el lavado de manos periódico van a disminuir el impacto del trabajador como fómite dentro de la granja.

### **1.2.3. Valoración de la bioseguridad**

A la hora de diseñar un programa de bioseguridad puede ser útil disponer de un sistema que nos permita valorar y medir de manera objetiva el nivel de bioseguridad de la granja. La aplicación de dicho sistema puede permitir disponer de un punto de partida para desarrollar un programa de mejora y establecer qué medidas son prioritarias para reducir el riesgo de entrada de patógenos a la misma. Además, puede permitir monitorizar el nivel de bioseguridad de la explotación a lo largo del tiempo y compararse con el nivel de otras explotaciones. Esto resultará particularmente importante cuando se aplique a todo un sistema productivo como el de una empresa ya que permite establecer una planificación del flujo de producción y de los contactos y riesgos admisibles.

Valorar la bioseguridad significa medir los posibles riesgos de introducción de patógenos en una granja y por ello, el primer paso consiste en recopilar las prácticas de bioseguridad aplicadas en la granja. Para ello, se pueden emplear encuestas epidemiológicas con preguntas que evalúen las



medidas de bioseguridad externa e interna aplicadas a las diferentes vías de infección y diseminación, así como las conexiones epidemiológicas existentes.

La metodología de análisis de riesgo, descrita por la OIE en el Código Sanitario para los Animales Terrestres (OIE, 2004), puede ser útil para valorar el riesgo de introducción de un agente patógeno a la granja en base a las medidas de bioseguridad existentes. Dicha metodología se puede dividir en i) identificación del riesgo (enfermedad o enfermedades que se quieren prevenir), ii) evaluación del riesgo y iii) gestión del riesgo (como se puede mejorar la bioseguridad y reducir el riesgo).

### **1.2.3.1. Valoración del riesgo**

La valoración de un riesgo puede llevarse a cabo de manera cuantitativa o cualitativa. A continuación, repasaremos estas dos aproximaciones.

#### **1.2.3.1.1. Valoración cuantitativa**

Una evaluación cuantitativa del riesgo expresa en términos numéricos la probabilidad de que un evento adverso ocurra. Esto da una estimación clara de la magnitud del riesgo y no está influido por las limitaciones lingüísticas de una evaluación cualitativa. Sin embargo, el análisis cuantitativo no es apropiado o factible en todos los casos. Si los datos necesarios para realizar una evaluación cuantitativa precisa no son conocidos, los resultados no pueden proporcionar más detalles que los obtenidos mediante una evaluación cualitativa (Miller *et al.*, 2017).

Los modelos cuantitativos consisten inicialmente en construir un modelo que contiene la serie de eventos que deben ocurrir como prerrequisitos para un brote y sus conexiones o encadenamiento, ya que unos eventos pueden depender de otros. Luego a cada evento se le asigna una probabilidad basada en el mejor conocimiento disponible en ese momento y se identifican aquellos elementos sobre los que existe una incertidumbre y/o variabilidad elevada. A continuación, se establecen las distribuciones de probabilidad y se determina la probabilidad para cada vía o globalmente con indicación de los intervalos de confianza. Habitualmente, se suele realizar un análisis de sensibilidad para evaluar la contribución de cada uno de los elementos tenidos en cuenta en el riesgo final (OIE, 2004).

Los modelos cuantitativos requieren más tiempo y recursos para realizarse, lo que complica su aplicación práctica. Por otra parte, la estimación del riesgo debe presentarse en unidades que sean lógicas en el contexto al que hacen referencia. Por ejemplo, para la introducción de una enfermedad transfronteriza se suele utilizar la probabilidad anual de introducción o los años esperados hasta que

sucede un brote. Esta valoración cuantitativa también puede permitir otro tipo de estimaciones. Si se puede valorar el coste económico asociado a la enfermedad y se conoce su probabilidad de introducción puede estimarse el monto aceptable de la inversión en prevención y también, del potencial retorno de la inversión. Esta evaluación de la rentabilidad permite establecer prioridades en la aplicación de medidas de mitigación del riesgo basadas en su coste y el retorno de inversión esperado.

En el campo de la sanidad animal, esta metodología se ha aplicado principalmente en el contexto de la importación de animales o sus productos y no tanto para valorar la bioseguridad de las explotaciones. Son muy pocos los trabajos que han utilizado este abordaje cuantitativo con relación a la bioseguridad. Por ejemplo, Nathues *et al.* (2014) valoraron el riesgo de introducción de una enfermedad a través de las importaciones de semen en un país libre como Suiza y Martínez López *et al.* (2008) valoraron de manera cuantitativa el riesgo de introducción del virus de la fiebre aftosa en España.

#### **1.2.3.1.2. Valoración cualitativa**

En este tipo de valoraciones el riesgo se define con palabras, por ejemplo: riesgo muy leve, leve, medio o alto; negligible o no negligible, etc. Las valoraciones cualitativas se emplean cuando no hay datos numéricos disponibles o son insuficientes o bien como una primera aproximación para valorar el riesgo, ya que la complejidad es menor y por lo tanto se puede realizar en menos tiempo. Si no se requiere una expresión muy detallada del riesgo, las evaluaciones de riesgo cualitativas pueden ser herramientas útiles y menos costosas (Miller *et al.*, 2017). En cualquier caso, este tipo de valoraciones deben estar bien documentadas y respaldadas con referencias de la bibliografía científica y otras fuentes, incluida la opinión de expertos (OIE, 2004). Si los datos existentes son escasos o no son representativos, entonces es apropiado un enfoque subjetivo que utilice la opinión de expertos.

El método se lleva a cabo preferiblemente en un período de dos a tres días. Los expertos se reúnen en una sala y reciben un cuestionario que se responde de forma individual y anónima sin discusión entre ellos. El anonimato de las respuestas permite reducir los sesgos introducidos a través de la discusión grupal. Luego se analizan las respuestas y se presentan los resultados, seguido de una discusión facilitada. Se vuelve a entregar el cuestionario, preferiblemente al día siguiente en las mismas condiciones. Esto permite que los expertos dispongan de tiempo suficiente para reflexionar sobre los puntos planteados en la discusión y, si corresponde, aprovechar la oportunidad para enmendar sus respuestas en el primer cuestionario. Obtener estos datos implica una serie de cuestiones importantes

como, determinar las posibles fuentes de sesgo, tratar con el desacuerdo entre los expertos, obtener la opinión de los expertos y elegir una distribución adecuada.

Esta metodología presenta desviaciones atribuibles a una serie de comportamientos que sesgan las opiniones personales. Por ejemplo, los individuos tienen tendencia a ponderar mejor la información que viene fácilmente a la mente. En otros casos, se puede estar fuertemente influenciado por pequeños conjuntos de datos que resultan familiares, aunque no sean representativos o se puede ser reacio a considerar informaciones nuevas que contradigan creencias arraigadas. Por otra parte, las personas tienden a declarar sus creencias de una manera que favorezca su propio desempeño o estatus y a afirmar puntos de vista débiles para aparecer como consistentes en el tiempo (OIE, 2004).

En ocasiones puede presentarse un desacuerdo entre expertos. En este caso es conveniente explorar las causas del desacuerdo por separado para determinar si el desacuerdo conduce a conclusiones sustancialmente diferentes. Si las conclusiones no se ven afectadas significativamente, podemos concluir que los resultados son robustos a pesar del desacuerdo entre los expertos.

En algunos casos, no se permite a los expertos estar en desacuerdo sobre el cuerpo de conocimiento, pero sí en las conclusiones derivadas de dicho conocimiento. En tales casos, debemos hacer un juicio acerca de qué experto tiene mayor autoridad con respecto al problema que se examina (OIE, 2004).

La elección del experto es crucial. Cada uno debe ser seleccionado imparcialmente a través de un proceso de consulta basado en su conocimiento para el tema dado. Se pueden introducir sesgos si la elección del experto está motivada, por ejemplo, por razones políticas o comerciales. Los expertos también deben provenir de una variedad de disciplinas relacionadas con el tema en cuestión, por ejemplo, veterinarios, científicos y formuladores de políticas (OIE, 2004).

En el contexto de la valoración de la bioseguridad de las explotaciones, los métodos de valoración cualitativa son los que se han empleado con mayor frecuencia. Dichos sistemas se basan principalmente en atribuir una importancia diferente a cada medida de bioseguridad, o combinación de medidas, en base a su importancia descrita en la bibliografía científica y a la opinión de expertos.

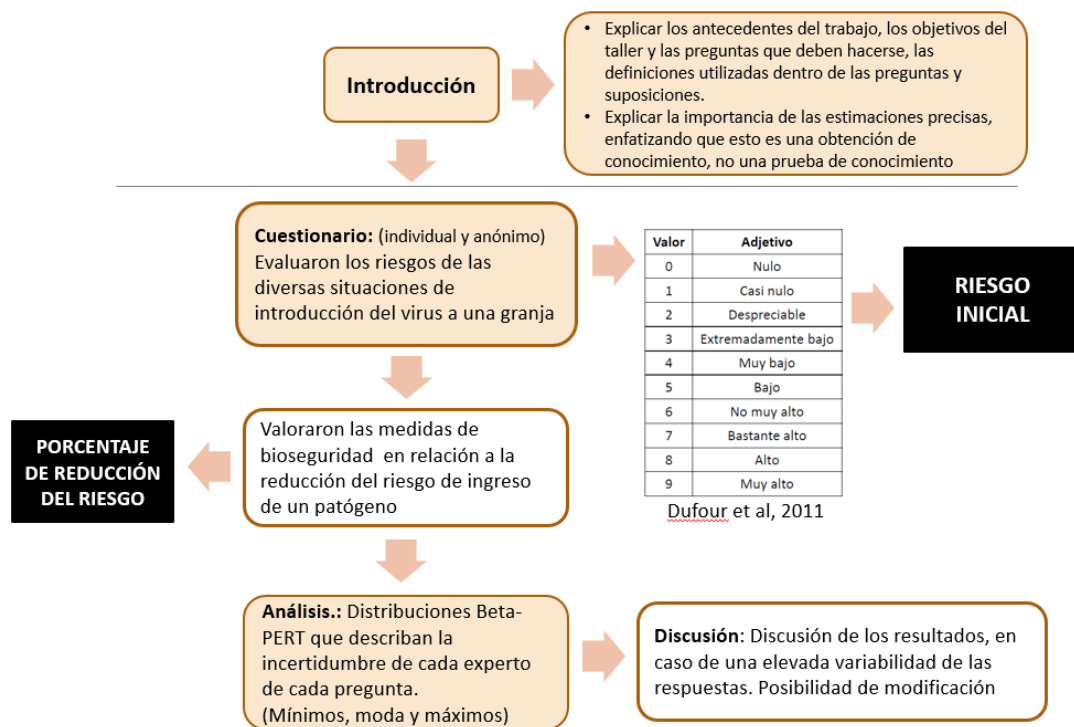
Algunos de estos sistemas de evaluación cualitativa se han diseñados para patógenos específicos, como es el caso de PADRAP, desarrollado para estimar la probabilidad de introducción de PRRS en granjas de cerdas negativas (Holtkamp *et al.*, 2013) o bien COMBAT<sup>1</sup>, también diseñado para evaluar

---

<sup>1</sup> Combat, Comprehensive Online Management Biosecurity Assessment Tool, Biosecurity, Boehringer Ingelheim.

los riesgos relacionados con PRRS. Se han desarrollado otros sistemas de evaluación que tienen en cuenta no sólo las medidas de bioseguridad aplicadas en la granja, si no el riesgo de exposición de la granja al patógeno debido a sus conexiones epidemiológicas, la frecuencia de contactos y la probabilidad de transmisión dado el contacto. Este sería el caso de la herramienta de análisis de riesgo desarrollada por Lewerin (2015) para *Brachyspira hyodysenteriae* y *Mycoplasma hyopneumoniae* o la desarrollada por Allepuz *et al.* (2018) para el PRRS.

**Figura 2. Ejemplo de los pasos a seguir en el taller del panel de expertos**



En otros casos se han desarrollado sistemas de evaluación de la bioseguridad general, es decir, no específica de ninguna enfermedad. Por ejemplo, en Australia, se desarrolló un sistema llamado APIQV<sup>2</sup> que permite evaluar si cumplen los estándares de bioseguridad establecidos. En Europa, uno de los más populares es Biocheck<sup>TM</sup>, desarrollado por la universidad de Gante (Laanen *et al.*, 2010) para porcino y aves.

#### 1.2.4. Diseño y aplicación de los programas de bioseguridad

Un programa de bioseguridad se puede diseñar teniendo en cuenta una enfermedad específica y orientar todas las medidas hacia esa enfermedad o bien puede ser más genérico y plantearse para

<sup>2</sup> <http://www.apiq.com.au>

reducir los riesgos comunes a distintas enfermedades. En cualquier caso, en primer lugar, es recomendable establecer un listado de enfermedades indeseables e identificar las vías por las cuales es más probable que pudieran ingresar en la granja. Debe tenerse en cuenta que no todas las formas de transmisión suponen el mismo riesgo y, por lo tanto, es importante priorizar las medidas asociadas a las vías con mayor riesgo; por ejemplo, aquellas que permitan el contacto directo entre animales y después las de un riesgo menor. También debe considerarse la frecuencia con la que un hecho concreto sucede. Por ejemplo, el ingreso en la explotación de los camiones de pienso puede suponer un riesgo inferior por evento que la entrada de operarios de mantenimiento eléctrico, pero si los camiones ingresan cada semana y los operarios una vez al año, el riesgo por unidad de tiempo es claramente mayor para los camiones de pienso.

Así pues, una vez seleccionados los patógenos frente a los que protegerse, identificadas las formas de transmisión e identificados los riesgos asociados a cada circunstancia y seleccionadas las medidas a aplicar, hay que aplicarlas.

Una vez aplicado el programa debería valorarse su desarrollo y realizar un seguimiento que condujese a la modificación o ampliación de las medidas existentes. Uno de los principales problemas para este mantenimiento a largo plazo del programa es que, si es efectivo, el resultado será que no se verá el ingreso de nuevas enfermedades o se reducirá la diseminación de las existentes. Este éxito será el mismo tiempo un peligro porque puede conducir a relajar la aplicación del programa.

#### **1.2.4.1. Factores que influyen en la aplicación de las medidas de bioseguridad**

Distintos organismos nacionales e internacionales han desarrollado políticas de bioseguridad para prevenir la diseminación de enfermedades emergentes. Sin embargo, la aplicación de la bioseguridad en cada granja es la responsabilidad de la industria y, en última instancia, de los propietarios de las explotaciones (Hernández-Jover *et al.*, 2016; Higgins *et al.*, 2016). En consecuencia, la actitud y percepción sobre la bioseguridad que pueda tener el ganadero es un factor muy relevante para su aplicación y es importante identificar las motivaciones o barreras para su aplicación. Ante esta necesidad, en los últimos años, se han desarrollado numerosos estudios que exploran los factores que influyen en la toma de decisiones por parte de los ganaderos de cerdos, así como su actitud con respecto a la bioseguridad (Casal *et al.*, 2007; Gunn *et al.*, 2008; Heffernan *et al.*, 2008; Kristensen y Jakobsen, 2011, Renault *et al.*, 2017; Simón-Grifé *et al.*, 20123). En dichos estudios se han observado y descrito múltiples factores, muchos de ellos interrelacionados.

Algunos factores descritos se podrían clasificar como ‘propios de los ganaderos’. Entre ellos estarían el conocimiento sobre la transmisión de enfermedades y sobre la bioseguridad, la edad y años de experiencia, su personalidad, así como su conexión con fuentes de información (asesoramiento técnico, red de productores, etc.) (Alarcón *et al.*, 2014; Nantima *et al.*, 2016; Racicot *et al.*, 2011; Simón-Grifé *et al.*, 2013). Los veterinarios son la fuente de información en la que los ganaderos depositan mayor confianza para conocer los riesgos a los que están expuestos y las medidas de bioseguridad que pueden aplicar (Alarcón *et al.*, 2014; Gillespie *et al.*, 2015) pero no la única. Los ganaderos también consideran las recomendaciones de otros asesores de la industria como las compañías proveedoras de animales, alimento o grupos de productores, entre otros (Alarcón *et al.*, 2014).

Otro componente importante son los factores económicos tales como los sistemas de compensación, sanciones o incentivos que influirán en el comportamiento de los ganaderos en la aplicación de la bioseguridad (Ellis-Iversn *et al.*, 2010). El retorno económico de la aplicación de medidas es un factor con mucho peso en la toma de decisión del ganadero ya que es importante que sea percibido (Alarcón *et al.*, 2014). Sin embargo, a pesar de que la percepción del ganadero sobre la efectividad de la medida sea elevada se ha observado una falta de correlación entre lo que se considera importante y la aplicación real de la medida, lo que indica que otros factores como el coste de la misma o la facilidad de aplicación pueden ser también relevantes (Casal *et al.*, 2007).

El tipo de producción y tamaño de la granja también se ha relacionado con la aplicación de bioseguridad y se ha visto que está influido por la motivación de los ganaderos (Schembria *et al.*, 2015). En este estudio observaron que los productores que criaban cerdos para obtener ingresos aplicaban un mayor número de medidas de bioseguridad que los productores de traspatio y de pequeño tamaño. Dicha diferencia se atribuyó a que las granjas más grandes y tecnificadas están motivadas por la mejora constante en su producción y rédito económico mientras que las granjas pequeñas poseen razones asociadas a la tradición familiar y el autoconsumo de sus cerdos.

Otro factor de gran impacto en la aplicación de medidas de bioseguridad es la percepción del riesgo de una enfermedad y sus consecuencias en la granja. Se ha observado una mayor aplicación de bioseguridad tras diversos brotes de enfermedades como PRRS (Nöremark *et al.*, 2009) o influenza (Hernández-Jover *et al.*, 2012a) así como en zonas densamente pobladas de cerdos, probablemente por una mayor percepción del riesgo de transmisión entre vecinos (Simón-Grifé *et al.*, 2013).

La educación de los productores es también un factor determinante en la aplicación de las medidas, tal y como describieron Gillespie *et al.* (2015). En este estudio, se investigaron las perspectivas de los ganaderos suecos sobre la incidencia, el control y la comunicación relacionados con las enfermedades infecciosas del ganado. Los resultados indicaron que los ganaderos que creen que tienen el conocimiento necesario, tienen un mayor sentido de control y también exigen que otros asuman la responsabilidad de prevenir la propagación de enfermedades. En Indonesia, se realizó un estudio con productores que venden cerdos en los mercados y compradores de éstos y se concluyó que la comprensión de la PPC y la bioseguridad era limitada: el 85% de los vendedores y el 83% de los compradores no tenían conocimiento previo de PPC. El 54% de los productores declararon no aplicar ninguna medida de bioseguridad (Leslie *et al.*, 2016).

Por tanto, para mejorar la aplicación de medidas de bioseguridad, se debe sensibilizar a los ganaderos, probablemente empleando métodos de tipo participativo. En este sentido, diversos gobiernos e instituciones han desarrollado guías, manuales y materiales para persuadir a los productores y veterinarios sobre por qué y cómo aplicar las medidas de bioseguridad. Desafortunadamente, muchos de estos manuales tienen poco impacto real ya que los productores piensan que las recomendaciones son irrelevantes o impracticables, aun en aquellos que han sufridos brotes de enfermedades o pueden recibir soporte económico. Parte de este fracaso se debe al poco crédito que suelen tener las instituciones gubernamentales. Asimismo, parte de los productores cree que la responsabilidad de la aplicación de las medidas es de los organismos sanitarios, particularmente cuando las medidas se destinan al control de zoonosis o se aplican por la presión internacional legal o de los mercados (Colineau y Stark, 2018; Hernández-Jover *et al.*, 2014).

Por otro lado, los factores que influyen en la toma de decisiones pueden ser variables entre países o incluso entre regiones de un mismo país. Por ejemplo, en un estudio realizado en Suecia se observaron diferencias regionales en medidas como el uso de ropa exclusiva para ingresar a las granjas (Nöremark *et al.*, 2016).

### **1.3. Los movimientos de animales como fuente de diseminación de enfermedades**

En los sistemas actuales de producción ganadera intensiva, los animales suelen estar confinados o semi-confinados, con relativamente poco contacto con otras poblaciones de la misma especie. En la mayoría de los casos, una granja se puede considerar una población discreta que contacta con otras poblaciones del mismo tipo principalmente a través de los transportes de animales, de suministros o

de las personas. Así pues, la introducción de nuevos agentes en la granja a menudo se produce como consecuencia de la entrada de animales que han ingresado provenientes de otras explotaciones. De hecho, se sabe que la transmisión de enfermedades mediante el transporte de animales es una de las vías más riesgosas y efectivas para la difusión de enfermedades (Févre *et al.*, 2006; Fritzemeier *et al.*, 2000; Gilbert *et al.*, 2005; Ortiz-Pelaez, 2006). Por ejemplo, en la epidemia de fiebre aftosa de Reino Unido en 2001 se produjo una diseminación rápida de la enfermedad por los movimientos de animales (Févre *et al.*, 2006; Kao *et al.*, 2002; Mansley *et al.*, 2005.).

La diseminación de enfermedades en un territorio a través del movimiento de animales puede ser controlada restringiendo de forma temporal dichos movimientos. Ciertamente, puede existir una diseminación por movimientos clandestinos, pero eso pertenece casi tanto al ámbito policial como al sanitario.

Una cuestión distinta son los movimientos que se producen antes de la detección de los primeros casos de enfermedad. Este periodo de tiempo, llamado período de alto riesgo puede durar semanas o meses y es crítico para la evolución posterior de la epidemia. Imaginemos una enfermedad de relativamente fácil transmisión que pueda transmitirse en el periodo de incubación, que tenga signos similares a los de otras enfermedades más comunes o en la que puedan existir animales infectados de forma subclínica. Un país con un gran número de movimientos de animales y con una gran conexión entre granjas sufrirá una elevada transmisión antes de que se detecten los primeros casos.

Conocer de antemano la red de movimientos animales será de suma importancia si se quiere estimar la posible red de difusión de la enfermedad en las etapas tempranas de una epidemia (Gilbert *et al.*, 2005). Además, conociendo la red de movimientos se puede determinar con mayor exactitud cuáles serán las restricciones más eficaces de los traslados de animales, y con ello limitar la diseminación de la enfermedad (Martinez-Lopez *et al.*, 2009a; Stärk *et al.*, 2006). Asimismo, conociendo la red de movimientos y la posición de cada granja en dicha red se puede predecir qué granjas es más probable que estén infectadas por conexión con otras en las que el brote ya se haya declarado. Esta capacidad de predicción va a ser particularmente importante en países que están libres de la mayoría de las enfermedades de importancia legal ya que la introducción de un nuevo patógeno de naturaleza exótica puede tener consecuencias catastróficas. En estos países, resulta por tanto esencial el desarrollo de estudios relacionados a la aplicación de medidas efectivas para la prevención de la introducción de enfermedades, su detección temprana y la potencial diseminación, que otorguen información para el desarrollo de la vigilancia epidemiológica, de la bioseguridad y planes de contingencia (Dubé *et al.*, 2009).



La producción porcina industrial funciona como una organización piramidal en la que las granjas de reproductoras, particularmente de animales de alto valor genético están en el ápice y los engordes y la cría de traspatio en la parte más baja. Los mataderos son los lugares en donde todos los puntos de la pirámide productiva acaban convergiendo. Esta organización productiva implica la necesidad de mover cerdos desde y hacia un gran número de explotaciones con diversos estados sanitarios. Cada uno de estos movimientos implica un riesgo en la transmisión de enfermedades (Birgas-Poulin *et al.*, 2007). Sin embargo, no todos los tipos de movimientos son igual de frecuentes ni involucran al mismo número de granjas o cerdos. En principio, las granjas que suministran cerdas de remplazo van a ocupar una posición bastante central ya que van a abastecer a un gran número de granjas de destino. Por el contrario, los engordes van a ser lugares de recepción de los que generalmente sólo van a salir animales hacia matadero. La frecuencia de los movimientos y el número de animales involucrados van a tener una influencia en la posibilidad de transmisión de enfermedades dentro de la red. Otros elementos de la pirámide como los mercados de venta y compra de animales son un importante sitio de contacto entre animales y constituyen un riesgo para la diseminación de patógenos (Fèvre *et al.*, 2006).

Estas redes de movimientos no son muy distintas de las conexiones que se establecen en las redes sociales. De hecho, el análisis de redes sociales se emplea para estudiar las relaciones entre entidades sociales y los patrones e implicaciones de estas relaciones (Wasserman y Faust, 1994), lo que básicamente, es lo que se quiere estudiar en una red de movimientos.

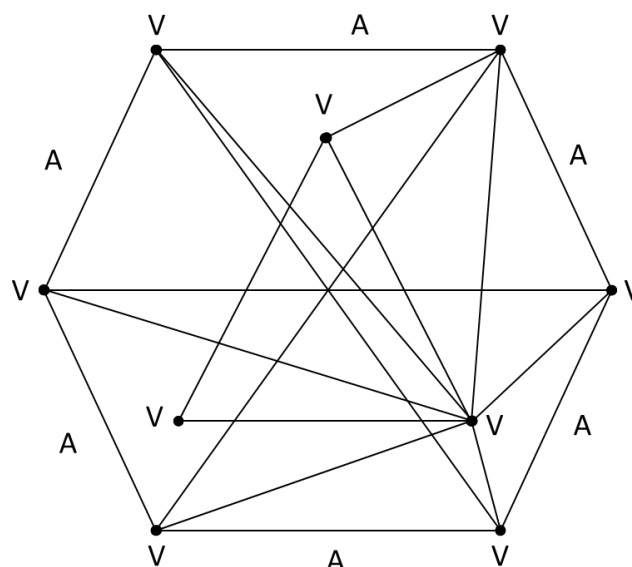
El análisis de redes sociales se basa en la teoría de grafos para estudiar las relaciones entre pares de objetos en una misma colección. Un grafo es un par ordenado de vértices y aristas (Figura 3).

En epidemiología tiene como interés el estudio de la diseminación de enfermedades y la dinámica de su trasmisión mediante la descripción de las interacciones entre granjas que son capaces de transferir una infección (Keeling y Eames 2005, Hanneman y Riddle, 2005). Como mencionábamos anteriormente, cada uno de estos movimientos implica diversos riesgos según el motivo del movimiento, cantidad y categoría de animal trasladado, el origen y el destino (Fèvre *et al.*, 2006). En este contexto las granjas reciben el nombre de vértices o nodos, y los movimientos de animales entre ellas serían los contactos.

Este análisis permite identificar establecimientos, poblaciones o regiones que son más importantes o centrales en la red por su alta conectividad, y por lo tanto son un riesgo en la introducción, diseminación y mantenimiento de enfermedades. Las granjas extremadamente conectadas pueden ser

potenciales super-diseminadores (*super-spreaders*), es decir, tienen la capacidad para transmitir la infección a un gran número de nodos debido a su alto nivel de conexión y actúan como un compartimiento (Martínez-López *et al.*, 2009a).

**Figura 3. Representación esquemática de una red.** Cada uno de los vértices o nodos (V) de la red establece una serie de conexiones con otros a través de las aristas (A). De tal modo que se pueden establecer pares V, A y establecer el número de conexiones entre dos vértices. En el caso de los movimientos de animales, los vértices son las granjas y las aristas representarían cada movimiento. Una granja V puede tener una o más conexiones con otra granja V' en un periodo de tiempo determinado. Asimismo, como sucede en el gráfico, un vértice puede estar mucho más conectado que otro. La diseminación de la enfermedad será más probable desde los nodos hiperconectados a sus conexiones mientras que para los nodos más aislados, la probabilidad de contagiarse será menor.



A través de las medidas descriptivas de la red, por ejemplo, el número de movimientos de entrada y salida globales y de cada nodo y el número de conexiones para cada nodo, podemos determinar el tamaño potencial de una epidemia y la velocidad a la que se producirá, así como la extensión que puede llegar alcanzar (Keeling y Eames 2005; Kao *et al.*, 2006). Asimismo, conociendo la estructura de la red y sus características podemos identificar aquellos nodos que al eliminarse de la red la desarticularían (Marquetoux *et al.*, 2016). En otras palabras, bloqueando los movimientos desde los nodos más conectados podemos limitar o incluso anular la diseminación de la infección en una región. Esta idea permite desarrollar medidas de vigilancia, prevención y control dirigidas hacia los nodos críticos (Keeling y Eames, 2005) o la aplicación de medidas de bioseguridad incrementadas en los

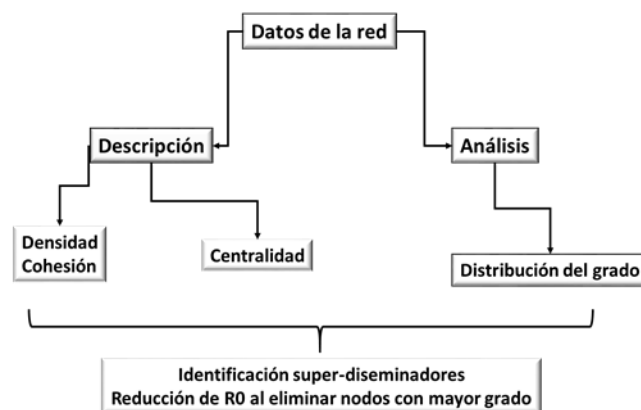
potenciales super-diseminadores lo que debería reducir el riesgo de introducción y diseminación de agentes infecciosos en una población de animales (FAO, 2010).

En los últimos años, números trabajos han descrito la red de movimientos de animales de diferentes especies empleando esta metodología (Arruda *et al.*, 2016; Baudon *et al.*, 2018; Birgas-Poulin *et al.*, 2007; Christley *et al.*, 2005; Kiss *et al.*, 2006b; Lee *et al.*, 2017; Lentz *et al.*, 2016; Lichoti *et al.*, 2016; Marquetoux *et al.*, 2016; Natale *et al.*, 2009; Nöremark *et al.*, 2011; Robinson y Christley, 2007; Robinson y Everett., 2007; Salines *et al.*, 2018; Smith *et al.*, 2013; Schulz *et al.*, 2017; VanderWaal *et al.*, 2016; Webb, 2005).

### 1.3.1. Breve revisión de la metodología del análisis de redes

La metodología del análisis de una red normalmente incluye una fase descriptiva y una analítica que se resumen en la figura 4.

**Figura 4. Esquema de los pasos a seguir en el análisis de redes**



En la fase descriptiva, un primer grupo de mediciones van destinadas a examinar la centralidad de la red; es decir, a determinar cuáles son los vértices más importantes. Esta centralidad puede determinarse a través del número de conexiones que tiene cada vértice (lo que se denomina como grado) y que puede subdividirse en conexiones de entrada (movimientos de entrada o *in-degree*) y movimientos de salida (o *out-degree*). Este grado puede calcularse como un número crudo (por ejemplo 36, 50 o 300 movimientos sean de entrada o de salida) o un número que se puede ponderar en función del número de animales en cada movimiento con respecto al número total de animales movidos en la red.

Si pensamos en la posibilidad de transmisión de enfermedades raras o poco frecuentes en la población, la ponderación es esencial. El movimiento sólo tendrá potencial para la transmisión si los animales transportados están infectados y este será un factor raro. En cambio, para enfermedades comunes o que se transmitan muy fácilmente dentro de cada granja la ponderación será menos importante ya que una vez infectada una granja, la probabilidad de que cualquier animal de la misma esté infectado tenderá a ser 1.

Otro concepto importante en las medidas de centralidad es la intermediación (*betweenness* en inglés). Este concepto equivale al número de veces que un nodo actúa como vía de conexión más corta entre otros dos nodos. Los nodos con mayor intermediación son “encrucijadas” que actúan como centros de diseminación de la enfermedad. Este valor también puede calcularse de forma cruda o ponderada.

El tercer concepto clave dentro de las medidas de centralidad es la cercanía. La cercanía de un nodo puede definirse como la longitud media del trayecto más corto entre ese nodo y todos los otros nodos del grafo. El nodo más central es aquel que está más cercano a cualquier otro nodo.

En un segundo paso, suelen calcularse las medidas de cohesión, es decir, aquellas mediciones que describen el nivel de cohesión de la red. Dentro de este conjunto de medidas podemos destacar tres: la densidad, el coeficiente de agrupamiento y la distancia geodésica. La densidad se define como la proporción de conexiones directas entre nodos con respecto al total de conexiones. El coeficiente de agrupamiento indica la probabilidad que dos asociados distintos a un nodo estén a su vez directamente conectados. Por último, la distancia geodésica puede considerarse entre los extremos más alejados del grafo o como promedio. Un concepto importante es el de la longitud del camino promedio (*average path length*) que se define como la distancia media entre todos los nodos de la red. Este valor nos da una imagen de lo cohesionada o dispersa que es la red. Mientras más corto sea esta distancia más rápida y fácilmente se diseminará la enfermedad. De hecho, en la mayoría de las redes que se producen de forma natural puede verse que una gran parte de todas las conexiones se producen entre unos nodos que están muy interconectados. Dicho de otro modo, dentro de la red existe un nodo gigante compuesto por los nodos interconectados mientras que otros nodos poseen pocas conexiones (Hanneman y Riddle, 2005).

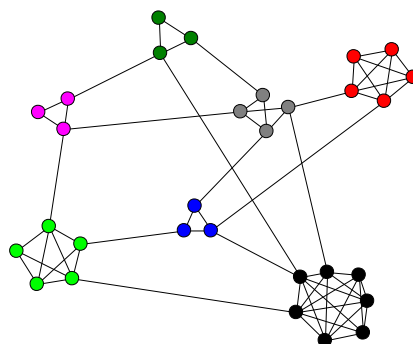
En un siguiente paso, se puede analizar la heterogeneidad de la red, lo que suele llevarse a cabo examinando la distribución de determinados valores. Por norma general, consideramos que una red de movimientos es heterogénea cuando unos pocos nodos aglutinan la mayor parte de los contactos. Esta idea, análoga a la ley de Pareto o del 80/20, correspondería a una distribución siguiendo la ley

de potencia (*power-law*); es decir, aquella en la que el cambio relativo de una variable resulta en un cambio proporcional de otra, independientemente del tamaño inicial de esas cantidades (como una potencia en el sentido matemático).

Habitualmente, este análisis se aplica al grado. Se considera que una red que cumple una distribución del grado siguiendo la ley de potencia es una red sin escala (*scale-free network*). Como se ha mencionado anteriormente, las redes sin escala se caracterizan por la existencia de unos pocos nodos que aglutinan la mayor parte de los contactos y actúan a modo de “*hubs*”. Estos *hubs* juegan un papel fundamental en la propagación y el mantenimiento de la infección tal y como se ha mostrado en modelos teóricos (Keeling y Eames, 2005; Newman 2002) donde el grado de contactos ha mostrado ser indicativo de la probabilidad de infección (Christley *et al.*, 2005). En una red de movimientos con estas características (*scale-free*) las enfermedades se propagan más rápidamente y, preferentemente, a los nodos que están altamente conectados y, por lo tanto, conocer cuáles son los nodos altamente conectados es necesario para poder establecer medidas de intervención y reducir la probabilidad de infección a otros nodos (Kiss *et al.*, 2006).

Además de ello, un elevado grado de cohesión se traduce en la tipología conocida como ‘*small-world*’. Este concepto hace referencia a la interconexión existente entre los diferentes nodos de la red. En el contexto de las relaciones sociales entre personas haría referencia a quien conoce a quien, es decir, si todas las personas se conocen entre ellas tendríamos una red con elevado grado de cohesión. En la figura 5 se muestra una tipología de red con las características de ‘mundo pequeño’.

**Figura 5. Red con tipología de mundo pequeño (*small world*)**



El concepto de pequeño mundo se puede entender mejor con el ejemplo de los seis grados de conexión, la teoría que indica que dos personas cualesquiera del mundo pueden conectarse a través de seis pasos en sus redes sociales. Para demostrar esta teoría, Milgram (Milgram, 1967) realizó un

experimento en 1960 para demostrar que las relaciones entre las personas de EEUU tienen la tipología de ‘mundo pequeño’. En este experimento, enviaron una carta a una persona, elegida de manera aleatoria, a la que le pidieron que enviase esa misma carta a otra persona, en caso de no conocerla debía de enviársela a aquel conocido/a que pensara que podía conocer a aquella persona. Mediante este experimento evidenciaron que la mayor parte de las cartas llegaban a su destinatario en 6 pasos, lo que se conoce actualmente como ‘los seis grados de separación’.

Si trasladamos todos estos conceptos a una red de movimientos de animales, en una red de tipo “pequeño mundo” y “sin escala”, una granja que tenga una alta intermediación o un alto grado jugará un papel fundamental en la propagación y el mantenimiento de la infección (Keeling y Eames, 2005; Newman 2002; Watts y Strogatz, 1998) como resultado de unir diferentes grupos (alta intermediación) o bien por actuar como super-diseminador (alto grado).

La importancia de las redes de contacto en la diseminación de enfermedades y la identificación de individuos (granjas, ferias, etc.) súper diseminadores, se puede evaluar en términos de su impacto en el número básico de reproducción ( $R_0$ ). Este valor se define como el número promedio de casos secundarios de infección como resultado de la introducción de un solo caso primario en una población de granjas previamente no expuestas (Woolhouse *et al.*, 2005). En la práctica, una pequeña fracción de la población contribuye de manera desproporcionada a  $R_0$  siguiendo la ley de Pareto o "regla del 20 a 80" mencionada anteriormente. Esto respalda el concepto de intervenciones dirigidas a aquellos individuos que realizan la mayor contribución al  $R_0$ , señalando que un requisito fundamental para un programa de control exitoso es reducir  $R_0$  por debajo de 1 (Anderson *et al.*, 1991).

La identificación de los nodos centrales en la diseminación de la enfermedad puede establecerse examinando como se reduce  $R_0$  al eliminar de la red las granjas con mayor grado o mayor intermediación (betweenness). Cuando por la remoción sucesiva de estas granjas el valor de  $R_0$ , se reduce en un porcentaje elevado (sobre el 80%), podemos determinar que las granjas removidas constituyen las granjas super-diseminadoras de la población evaluada. La identificación de estas granjas es un conomiento clave en el uso de diseño de programas de vigilancia, planes de control y de contingencia, u otro tipo de intervenciones que, al ser dirigidas y no aplicadas al azar, resultar ser mucho más eficientes (Keeling y Eames, 2005).

## **1.4. La Diarrea Epidémica Porcina**

### **1.4.1. Etiología**

La diarrea epidémica porcina (DEP) está causada por el virus del mismo nombre (DEPV) es un virus ARN de sentido positivo con un genoma de 28 kb (Kocherhans *et al.*, 2001). Se clasifica dentro del Orden *Nidovirales*, Suborden *Cornidovirineae*, Familia *Coronaviridae*, Subfamilia *Orthocoronavirinae*, Género *Alphacoronavirus*, Subgénero *Pedacovirus*<sup>3</sup>. No hay evidencias que existan más de un serotipo, aunque se describen al menos dos genogrupos (Lin *et al.*, 2016).

### **1.4.2. Distribución geográfica e impacto**

La enfermedad apareció por primera vez en el Reino Unido en 1971 (Pensaert y Yeo, 2006) aunque en aquel momento no se pudo identificar el agente causal. Posteriormente, la enfermedad reapareció en forma de una epidemia de brotes de diarrea aguda en Europa continental, pudiéndose aislar el agente causal en Bélgica (Wood, 1977; Pensaert y de Bouck, 1978). El virus aislado recibió el nombre de DEPV. Desde finales de la década de 1970 el DEPV se mantuvo como un patógeno endémico en las poblaciones de cerdos europeos y asiáticos. Desde la década de 1990, se habían producido importantes brotes de DEP en la República Checa, Bélgica, Inglaterra, Alemania, Suiza, Hungría, Corea, China, Italia y Tailandia (Song y Park, 2012), reapareciendo en China alrededor de 2010 como agente de nuevos brotes epidémicos de diarrea (Sun *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2013). Los estudios filogenéticos realizados mostraron que las cepas emergentes en China podían distinguirse de los aislados anteriores (Zhou *et al.*, 2012).

En abril de 2013, la DEP apareció en Estados Unidos (Stevenson *et al.*, 2013). Un año después de la introducción, el virus se había propagado a la mayoría de las áreas que producen cerdos y causó la pérdida de aproximadamente 7 millones de cerdos, afectando principalmente a los neonatos en las primeras semanas de vida.

El análisis de la secuencia de las cepas de DEPV circulantes en EEUU mostró una identidad de nucleótidos superior al 99% con las cepas que circulaban en China entre 2011 y 2012, lo que indicaba un posible origen chino de la cepa de EEUU (Huang *et al.*, 2013). La vía de introducción del virus en

---

<sup>3</sup> International Committee on Taxonomy of Viruses 2018 Release (<https://talk.ictvonline.org>, consultado el 18/02/2019)

los EEUU aún no ha sido aclarada, pero todo sugiere a que pudiera haber sido por la importación de alimentos o por contenedores contaminados que contaminaron alimento (Scott *et al.*, 2016).

Desde 2013, la DEP ha sido una enfermedad importante en la industria porcina de EEUU, con 39 estados y más de 3.750 instalaciones confirmadas como positivas para el virus a partir de diciembre de 2017. Las pérdidas económicas debido a la introducción de DEP fueron sustanciales, con estimaciones de 300.000 dólares perdidos por año para una sola granja de 700 cerdas de ciclo completo (Weng, 2016). Adicionalmente, la infección con DEP producía un descenso de la productividad global de hasta un 11% (Alvarez *et al.*, 2015).

Además, se produjo la propagación del virus a otros países de América del Norte, Central y del Sur y se registraron brotes por primera vez en granjas de cerdos en Canadá (enero 2014), México (julio de 2013), Perú (octubre de 2013), República Dominicana (noviembre de 2013), Colombia (marzo de 2014) y Ecuador (julio de 2014) (Carvajal *et al.*, 2015).

### **1.4.3. Transmisión**

La transmisión del DEPV ocurre principalmente por vía feco-oral. La eliminación del virus en las heces comienza el primer o segundo día después de la infección y continúa durante un período de 7 a 10 días, aunque puede extenderse hasta 56 días en algunos animales (Sun *et al.*, 2014). La transmisión del virus se ve facilitada por la alta carga viral en las heces de animales infectados (Sun *et al.*, 2014), así como por la baja dosis infecciosa requerida para infectar cerdos (Thomas *et al.*, 2015).

El virus de la DEP es estable a bajas temperaturas, mientras que se ve afectado adversamente por las altas temperaturas, por lo que se ha visto una mayor transmisión en los períodos más fríos del año en comparación con los meses más cálidos (Goede y Morrison, 2016). El virus sobrevive en un rango de pH entre 5.0 y 9.0 a 4 ° C, mientras que a 37°C sólo lo hace entre un pH de 6.5 y 7.5 Puede sobrevivir durante al menos 28 días en suspensión a 4 ° C, 7 días en alimento seco contaminado a 25 ° C o 14 días en alimento húmedo contaminado a 25 ° C. Este hecho favorece la transmisión indirecta por diferentes fómites contaminados como ropa, botas, equipamiento (Kim *et al.*, 2017) y camiones contaminados en las cargas y descargas de cerdos (Lowe *et al.*, 2014). El alimento contaminado (particularmente plasma desecado en spray) actúa como fuente de diseminación del virus (Alvarez *et al.*, 2016). También puede ocurrir una diseminación por el aire; el virus ha sido detectado a 10 millas desde una granja infectada (Alonso *et al.*, 2014, Beam *et al.*, 2015).



#### **1.4.4. Formas de presentación**

- **Forma epidémica:** Los brotes epidémicos, con afectación de cerdos de todas las edades ocurren cuando el virus se introduce por primera vez en una población susceptible. El periodo de incubación es de aproximadamente 12-24 horas y la diarrea dura hasta 7-14 días. En los neonatos la mortalidad es muy alta, llegando al 100%, como resultado de la intensa deshidratación causada por la atrofia de las vellosidades.

Las infecciones en cerdas adultas pueden no ser aparentes; sin embargo, lo más común es que algunas cerdas, particularmente las jóvenes, puedan tener diarrea leve y vómitos ocasionales, todo ello acompañado de un descenso en el consumo de pienso. A medida que el animal crece, los signos suelen ser más leves y para la edad del destete, la infección con el PEDV suele cursar como una diarrea aguda que se resuelve en una semana o menos.

- **Forma endémica:** En las granjas en las que la infección se ha instaurado de forma endémica, la mayoría de las cerdas adultas ya posee inmunidad por contactos previos por lo que la DEP no se presenta en las maternidades o sólo lo hace de forma ocasional afectando a camadas concretas. Sin embargo, cuando se desteta a los lechones estos pierden la inmunidad lactogénica al poco de entrar en la transición siendo entonces cuando se suelen producir los brotes, que suelen ser de moderada intensidad. No suelen observarse signos de enfermedad en otros grupos de animales.

#### **1.4.5. Diagnóstico diferencial**

La enfermedad es muy parecida a la TGE de la que resulta prácticamente indistinguible en sus formas más virulentas. Otros agentes que pueden producir cuadros similares son el deltacoronavirus porcino (PDCoV) y el alfacoronavirus. El deltacoronavirus (PDCoV) se describió inicialmente en China en 2012 (Woo *et al.*, 2012) y posteriormente se detectó en el curso de las investigaciones de la epidemia de DEP en EEUU (Wang *et al.* 2013). El alfacoronavirus porcino se describió por primera vez en 2017 en China (Pan *et al.*, 2017) como agente causante de graves brotes de diarrea. Este virus está muy probablemente relacionado con virus de murciélagos y no se ha descrito como causante de enfermedad fuera de Asia.

Sin embargo, los cuatro virus son antigénicamente distintos y la protección cruzada no se produce entre DEP, PDCoV, TGEV y probablemente alfacoronavirus (Ma *et al.*, 2016; Niederwerder y Hesse, 2017; Wang *et al.*, 2019; Zhang, 2016).

#### 1.4.6. Estrategias de control y prevención

Ante un brote de DEP se han utilizado varias estrategias de manejo para el control de la enfermedad. La más común es la exposición de las cerdas a material infeccioso en forma de heces, o intestinos homogeneizados. Con esta estrategia se pretende producir la infección en la cerda vacía o en fases iniciales de la gestación con el objeto de que al llegar el parto ya esté suficientemente inmunizada y pueda transmitir inmunidad a sus lechones. Los lechones nacidos de cerdas previamente sometidas a retroalimentación mejoraron su supervivencia 33%, vieron reducida la diarrea (57% menos casos) y, en el caso de infectarse, tenían una menor carga viral (aproximadamente 200 a 400 veces más bajas) en el intestino en comparación con lechones de 3 días nacidos de cerdas no inmunes (Goede *et al.* 2015). En este estudio, la inmunidad lactogénica, detectada por ELISA como IgA anti-DEPV en el calostro o en la leche, todavía estaba presente 7 meses después de que las cerdas hubieran recibido la retroalimentación (Goede *et al.*, 2015). Existen algunas vacunas en el mercado de los EEUU que se aprobaron como medida de emergencia ante los brotes de 2013; sin embargo, ninguna de ellas está en uso en Europa.

La única prevención eficaz hasta el momento presente es evitar el ingreso de la infección en las explotaciones. Por una parte, el control de entrada de nuevos animales debería descartar cualquier origen de reposición que estuviera infectada. De todos modos, como se mencionaba anteriormente, la entrada de la infección en la granja puede producirse a menudo por fómites. Es por ello que resultará fundamental una exquisita bioseguridad al respecto con clara delimitación de zonas limpias y sucias. Esto establecerá una barrera para la entrada de personas contaminadas, pero resultará menos eficaz cuando por ejemplo se trate de casos en los que llega alimento contaminado. En Canadá se observó que la DEP probablemente se transmitió entre granjas por la distribución de alimento contaminado mediante la red de transporte. La utilización de aditivos puede mitigar este riesgo, pero será necesario asimismo establecer pautas de limpieza y desinfección de los camiones.

El DEPV es susceptible a una amplia gama de desinfectantes como, por ejemplo, el peroximonosulfato de potasio (Virkon® en su formato comercial) al 1% durante 10 minutos o al cloruro de amonio cuaternario y al glutaraldehído. Fenoles, hipoclorito sódico, hidróxido sódico, etc. Son también efectivos frente a DEPV (Bowman *et al.*, 2015). Holtkamp *et al.* (2017) investigaron el peróxido de hidrógeno acelerado como un posible desinfectante en metales contaminados con material fecal para imitar las condiciones del remolque en el campo. Se encontró que las diluciones de 1:16 y 1:32 a los 30 minutos del tiempo de contacto eliminan efectivamente la infectividad del

virus de la DEP. El uso de estos desinfectantes en las cajas de los camiones, rampas de subida y bajada del camión y en pediluvios es un elemento esencial al establecimiento de zonas limpias y sucias estrictamente separadas.

## **1.5. La producción porcina en la Argentina**

### **1.5.1. Contexto histórico y situación actual**

La producción porcina en la Argentina está compuesta por un total de 962.881 cerdas productivas, distribuidas en 16.408 establecimientos<sup>4</sup>. Los productores que comercializan sus cerdos a matadero o a terceros se denominan, “productores comerciales” mientras que cuando la actividad ganadera es meramente de autoconsumo se denominan “productores no comerciales”.

De algún modo, el sector porcino argentino podría describirse como una estructura piramidal, donde los núcleos genéticos, centros de extracción de semen y multiplicadores se encuentran en el ápice. Desde este vértice, se supe de cerdas nulíparas y reproductores a los criaderos comerciales. Estos últimos se encuentran en el centro con los engordadores. En un último estrato se encontrarían las producciones familiares y de traspatio para autoconsumo.

De acuerdo a las estadísticas del Servicio Nacional de Sanidad Animal (SENASA)<sup>5</sup> del Ministerio de Producción y Trabajo de la Argentina, el censo de animales y granjas comerciales en el país se describen en la tabla 1.

Los establecimientos de mayor tamaño (de 100 a 6000 madres) representan el 1,5 % de los establecimientos del país, concentran el 30% de las cerdas totales y a más del 40% de las existencias totales de porcinos. La producción en este estrato, en su gran mayoría se realiza en confinamiento total o parcial con mediano a alto nivel de tecnificación. Una parte de ellos se encuentra organizada como integraciones de las diversas etapas de producción, aunque la mayoría (99%) realiza ciclo completo. Esta población está conformada por establecimientos productores de animales de genética (reproductores y semen) que poseen bisabuelas y abuelas de diferentes líneas genética; criaderos comerciales (ciclo completo o sitios integrados para la producción de carne) y engordadores; productores que compran lechones en diversas granjas y los engordan hasta llegar al peso de faena.

---

<sup>4</sup> <http://www.Senasa.gob.ar/cadena-animal/porcinos/informacion/informes-y-estadisticas>.

Éstos coexisten con pequeños productores y tenedores de cerdos que funcionan en un régimen de autoconsumo (cerdos de traspatio).

**Tabla 1.** Distribución del censo comercial de cerdas en la Argentina con indicación del número de movimientos. (Fuente: SENASA, 2017)

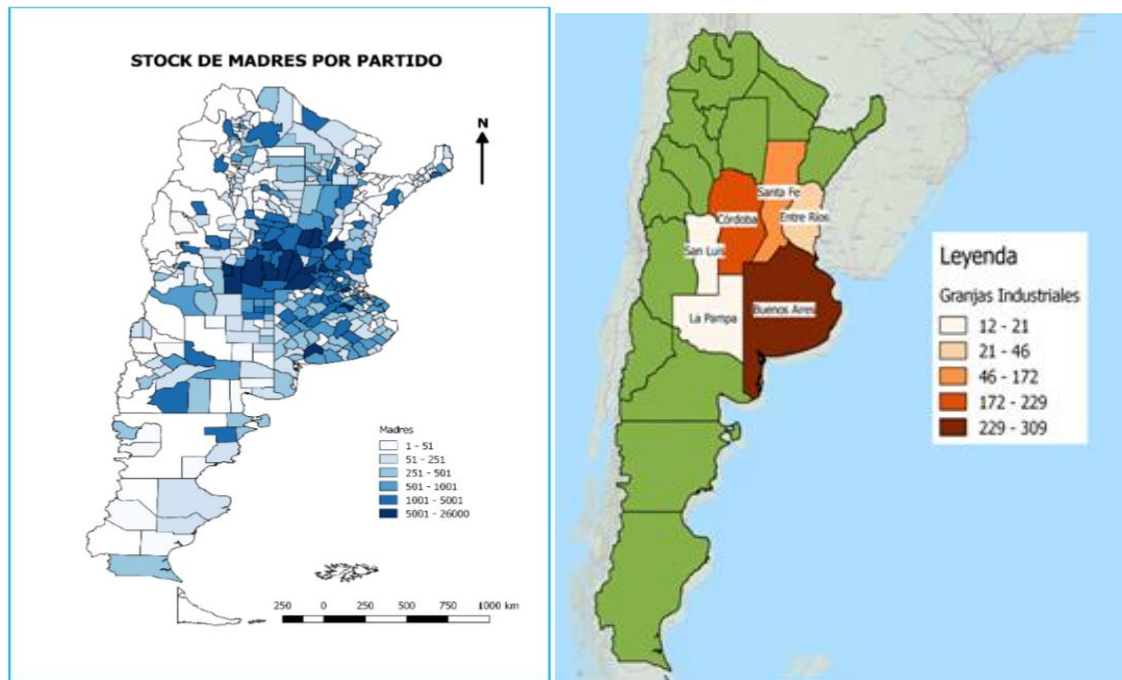
<b>Rango</b>	<b>Granjas</b>	<b>Nº madres</b>	<b>Movimientos</b>
<b>Sin reproductoras</b>	299		639.622
<b>1-10</b>	823	4.856	145.399
<b>11-50</b>	2.406	67.266	602.118
<b>51-100</b>	878	62.764	671.151
<b>101-250</b>	319	50.246	713.206
<b>251-500</b>	145	50.273	943.530
<b>501-1000</b>	70	48.576	988.560
<b>&gt;1000</b>	34	74.532	1.633.816
<b>Sin datos del número</b>	204	---	83.212
<b>Total</b>	<b>5.178</b>	<b>358.513</b>	<b>6.420.358</b>

Los establecimientos de tamaño mediano y pequeño representan la mayoría de los establecimientos del país. Los establecimientos medianos (10 a 99 cerdas) representan el 20% del total de los establecimientos, mientras que los pequeños (menos de 10 cerdas), casi el 80%. La producción en su gran mayoría se hace al aire libre, en menor proporción en confinamiento parcial y excepcionalmente, en confinamiento total.

Las áreas más importantes de la producción porcina nacional coinciden con las principales áreas de producción de maíz, soja y otros cereales de cosecha gruesa. Este hecho se debe a que la alimentación del cerdo en la Argentina tiene como base principal el grano de maíz y derivados de la soja. Aproximadamente, el 90% de las existencias porcinas y más del 80% de los establecimientos con más de 100 madres se encuentran en la región de mayor aptitud agrícola-ganadera, que es la región pampeana (provincias de Buenos Aires, Córdoba y Santa Fe). Actualmente el norte de la provincia de Buenos Aires, el sur de la provincia de Santa Fe y el centro de la provincia de Córdoba (región pampeana central) constituyen la más importante zona productora de cerdos, concentrando el 65% de las existencias nacionales. El 35% restante se encuentra distribuido en otras regiones con una distribución más homogénea de establecimientos pequeños, de menos de 10 madres o de entre 10 a 50 madres, sin alcanzar a generar conglomerados espaciales de importancia. Respecto a las cerdas, la

región central del país se destaca por concentrar a los establecimientos de más de 100 y 200 madres y geográficamente, coincide con la tradicional zona maicera (región pampeana central) (véase figura 6).

**Figura 6. Distribución geográfica del censo de cerdas por partido (izquierda) y censo de las granjas de cerdos de más de 100 cerdas en producción (derecha) distribuidas por provincia. (Fuente: Área Porcinos- Dirección de Porcinos, Aves de Granja y No Tradicionales, con datos del SENASA).**



\*Granjas Industriales: más de 100 cerdas en producción

Respecto a los indicadores de eficiencia (Tabla 2), se estima que las explotaciones que se encuentran bajo sistemas de producción en confinamiento presentan en promedio de 20 a 26 lechones destetados/madre/año y 17-18 animales a matadero/por madre/año. La producción porcina de pequeña escala (traspato y agricultura familiar) está orientada principalmente a la producción de lechones y elaboración de chacinados, en su mayoría para autoconsumo y también para comercialización de excedentes a nivel local. Los índices productivos de este estrato rondan los 8 a 14 lechones/madre/año. (Asociación Argentina de Productores de Porcinos, 2014)<sup>6</sup>.

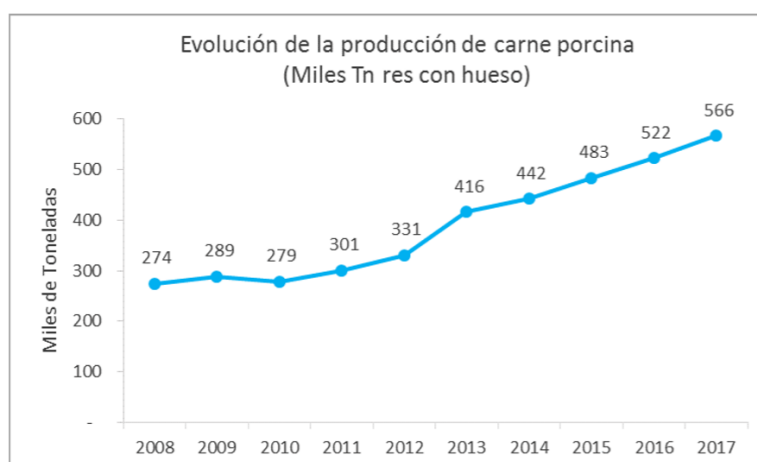
<sup>6</sup> <http://porcinos.org.ar>

Es importante resaltar que la producción de carne porcina ha crecido de forma continuada desde 2010 (Figura 7). Actualmente, se faenan alrededor de 6,5 millones de cabezas de porcinos en el país, generando 566.276 toneladas de res con hueso, con un crecimiento interanual de 8,39%.

**Tabla 2. Datos de productividad numérica en las granjas de porcino de la Argentina.** (Asociación Argentina de Productores de Porcinos, 2014).

	Lechones/cerda/año	Animales a matadero
Granjas Industriales alta producción	25,5	3.060.000
Granjas industriales media producción	17,5	2.362.500
Granjas no industriales	9,5	1.140.000
<b>Total</b>	<b>17,5</b>	<b>6.562.500</b>

**Figura 7. Evolución de la producción de carne de cerdo en la Argentina entre 2008 y 2017.** (Anuario Porcino, Secretaria de Ganadería, Agricultura y Pesca, Ministerio de Agroindustria, 2017)<sup>7</sup>.



La producción de carne de cerdo se destina, en su gran mayoría, al mercado interno. Aproximadamente el 40% de la producción total es elaborada por cinco establecimientos, los cuales poseen el mayor desarrollo industrial y tecnológico del sector y el 63% (132/208) de los

<sup>7</sup> [https://www.agroindustria.gov.ar/sitio/areas/porcinos/estadistica/\\_archivos//000005-Anuario/170000-Anuario%202017.pdf](https://www.agroindustria.gov.ar/sitio/areas/porcinos/estadistica/_archivos//000005-Anuario/170000-Anuario%202017.pdf)

establecimientos de matadero, están ubicados en la zona de mayor censo de cerdos: Buenos Aires, Córdoba, Entre Ríos y Santa Fe.

Argentina importa 38.552 toneladas de productos, de los cuales un 86,7% es carne congelada proveniente de Brasil (85%) y el resto de Dinamarca, España, Alemania, Italia y otros países. Las exportaciones constituyen 14.322 toneladas de productos, principalmente despojos comerciales, menudencias y carne fresca (12,23%). Respecto a las exportaciones de carne fresca viene produciéndose un aumento constante de la exportación, principalmente a Rusia (95%) y Hong Kong (5%). Los fiambres, chacinados y embutidos tiene como destino central Hong Kong (79%) y Vietnam (16%) (Anuario Porcino, Secretaria de Ganadería, agricultura y pesca, Ministerio de Agroindustria, 2017). El consumo de carne de cerdo en el país por habitante tuvo un incremento importante los últimos años. Actualmente el consumo total es de 14 kg/persona/año<sup>8</sup>.

### **1.5.2. Situación Sanitaria.**

Argentina es libre de varias enfermedades que, según la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), son de alto impacto productivo y económico. En el momento de escribir la presente revisión (enero 2019), Argentina es libre de la mayoría de las enfermedades de declaración obligatoria de la OIE excepto la enfermedad de Aujeszky (sujeta a un programa nacional), gastroenteritis transmisible y cisticercosis por *Taenia solium*.

El SENASA mantiene un sistema de vigilancia activa por muestreos serológicos sistemáticos realizados cada año para demostrar la ausencia de enfermedades en el país como PPC, peste porcina africana y PRRS, entre otras.

Debe destacarse que a la vigilancia activa se suma la obligatoriedad de denuncia de aparición de enfermedades de los porcinos (Resolución 422/2003), la vigilancia sobre poblaciones silvestres y fauna cuando corresponde y la vigilancia pasiva en plantas de faena.

### **1.5.3. Ventajas competitivas y problemas estructurales**

El sector porcino argentino cuenta con numerosas ventajas intrínsecas, como son la disponibilidad de maíz y soja, que conforman la base de la alimentación y el principal costo de producción, el clima

---

<sup>8</sup> <https://www.ambito.com/el-consumo-carne-cerdo-crecio-un-96-2017-14-kilos-persona-mas-alto-una-decada-n4015661>.

favorable, la falta de amenazas sanitarias y la escala productiva necesaria que favorece su desarrollo a nivel regional.

La mayoría de los productores porcinos argentinos (73 % del total, unos 3.800) presentan sistemas productivos de muy baja escala: menos de 500 cabezas anuales enviadas a faena, lo que equivale en promedio a 1,5 cabezas diarias. Estos sistemas de pequeña escala no permiten incorporar tecnología de punta y sistemas más eficientes en la faena, dificultan la estandarización de la calidad (la carne), tienen un mayor costo de negociación y elevada informalidad impositiva. El problema es que el mercado internacional de carnes exige grandes volúmenes (muchas veces concentrados en pocos cortes), con suministro constante, para poder cerrar acuerdos con distribuidores y canales comerciales. Esta atomización impide el desarrollo de una estrategia de exportación más agresiva.

El problema para los productores aparece cuando se desea crecer, invertir y tener más madres en producción. La inversión estimada por madre se ubica entre U\$S 8.000 y U\$S 10.000 más la necesidad de disponer del inmueble rural en donde desarrollar las actividades.

#### **1.5.4 Futuro del mercado porcino argentino**

La cadena porcina ha experimentado un crecimiento importante en los últimos años, y tiene grandes posibilidades de aumentar el consumo interno y sustituir importaciones. La necesidad de disminuir el consumo de carne vacuna; ya que los campos que se utilizan o utilizaban para la cría extensiva de ganado bovino actualmente se destinan a la producción de soja y otros productos, por el rédito económico y la facilidad de la producción; y el apoyo de políticas de sustitución de carnes se presentan como una oportunidad para el desarrollo y la consolidación de la producción porcina, haciendo hincapié en el contenido bajo en grasa, la inocuidad y la versatilidad de la carne de cerdo.

Las expectativas del mercado argentino de cerdos son positivas, se espera continuar con un crecimiento alto, mayor que el 5% anual y seguir incrementando el consumo interno y el comercio exterior. Durante los últimos 5 años la producción de cerdos a faena creció un 6% anual, más allá de los cambios ocurridos en la rentabilidad a lo largo de los mismos. Un grupo de productores (15 empresas) conformó un consorcio llamado Argen Pork Export, para exportar carne de cerdo y ya en el año 2018 hubo un incremento del 56% en las exportaciones, hasta alcanzar las 3.600 toneladas de res con hueso, principalmente se está exportando a Rusia y Vietnam y se comenzó con la presentación de carpetas para el mercado de Singapur, haciendo un seguimiento de cada una de ellas en el proceso,



corrección y aceptación por parte del SENASA. Actualmente se están esperando las respuestas de Singapur. Luego, se continuó el trabajo en el mercado de China. Se participó de una reunión convocada por la Secretaría de Agroindustria a donde se terminaron de definir los parámetros del acuerdo recíproco con China, esperando a la fecha solamente la firma del mismo (Asociación Argentina de Productores de Porcino)<sup>9</sup>.

---

<sup>9</sup> <http://porcinos.org.ar>

## Referencias

1. Akande O. 2008. A study on wild rat behaviour and control on a pig farm. Master thesis, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala (Suecia), p 53.
2. Alarcón P, Wieland B, Mateus ALP, Dewberry C. 2014. Pig farmers' perceptions, attitudes, influences and management of information in the decision-making process for disease control. *Prev Vet Med*, **116**: 223-242.
3. Alexander T. 1980. Medicated Early Weaning to Obtain Pigs Free from Pathogens Endemic in the Herd of Origin. *Vet Rec*, **106**: 114-119.
4. Allepuz A, Martín-Valls GE, Casal J, Mateu E. 2018. Development of a risk assessment tool for improving biosecurity on pig farms. *Prev Vet Med*, **153**: 56-63.
5. Allerson M, Cardona C, M. Torremorell. 2013. Indirect Transmission of Influenza A Virus between Pig Populations under Two Different Biosecurity Settings. *PLOS One*, **8**: e67293.
6. Alonso C, Davies P, Polson D, Dee S, Lazarus W. 2013. Financial implications of installing air filtration systems to prevent PRRSV infection in large sow herds. *Prev Vet Med*, **111**:268-277.
7. Alonso C, Goede D, Morrison R, Davies P, Rovira A, Marthaler DG. 2014. Evidence of infectivity of airborne porcine epidemic diarrhea virus and detection of airborne viral RNA at long distances from infected herds. *Vet Res*, **45**:1-5.
8. Alonso C, Murtaugh M, Dee S, Davies P. 2013. Epidemiological study of air filtration systems for preventing PRRSV infection in large sow herds. *Prev Vet Med*, **112**:109-117.
9. Alvarez R, Amass S, Stevenson G. 2001. Investigation of people as mechanical vectors for transmissible gastroenteritis virus of swine. **En**: Proc International Symposium on Swine Disease Eradication, St. Paul (MN, EEUU), septiembre 15, p 95.
10. Alvarez J, Goede D, Morrison R, Perez A. 2016. Spatial and temporal epidemiology of porcine epidemic diarrhea (PED) in the Midwest and Southeast regions of the United States. *Prev Vet Med*, **123**:155-160.
11. Alvarez J, Sarradell J, Morrison R, Perez A. 2015. Impact of porcine epidemic diarrhea on performance of growing pigs. *PLOS One*, **10**: e0120532.
12. Amass S y Baysinger A. 2006. Swine diseases transmission and prevention. **En**: Diseases of Swine 9th edition. Editores: Straw BE, Zimmerman JJ, D'Allaire S, Taylor DJ. Blackwell Publishing Ltd., Oxford (Reino Unido), 1075-1098 pp.
13. Amass S y Clark L. 1999. Biosecurity considerations for pork productions units. *J Swine Health Prod*, **7**: 217-228.
14. Amass S, Halbur P, Byrne B. 2003. Mechanical transmission of enterotoxigenic *Escherichia coli* to weaned pigs by people, and biosecurity procedures that prevented such transmission. *J Swine Health Prod*, **11**:61-67.
15. Amass S, Mason P, Pacheco J, Miller C, Ramirez A, Clark L, Ragland D, Schneider J, Kenyon S. 2004. Procedures for preventing transmission of foot-and-mouth disease virus (O/TAW/97) by people. *Veterinary Microbiology*, **103**: 143-149.
16. Anderson RM y May RM. 1991. *Infectious diseases of humans: dynamics and control*. Oxford University Press, Oxford (Reino Unido).
17. Andrés-Barranco S, Vico J, Garrido V, Samper S, Herrera-León S, de Frutos C, Mainar-Jaime R. 2014. Role of wild bird and rodents in the epidemiology of subclinical salmonellosis in finishing pigs. *Foodborne Pathog Dis*, **11**:689-97.
18. Argüello H, Manzanilla E, Lynch H, Walia K, Leonard F, Egan J, Duffy G, Gardiner G, Lawlor P. 2018. Surveillance Data Highlights Feed Form, Biosecurity, and Disease Control as Significant Factors Associated with Salmonella Infection on Farrow-to-Finish Pig Farms. *Front Microbiol*, **9**:187.
19. Argüello H, Rubio P, Jaramillo A, Barrios V, Garcia M, Carvajal A. 2011. Evaluation of cleaning and disinfection procedures against Samonella enterica at swine farms, transport and lairage facilities. **En**: *Proceedings IX SafePork Conference*, Maastricht (Holanda), 19-22 de junio, p 254.
20. Arruda A, Friendship R, Carpenter J, Hand K, Poljak Z. 2016. Network, cluster and risk factor analyses for porcine reproductive and respiratory syndrome using data from swine sites participating in a disease control program. *Prev Vet Med*, **128**: 41-50.
21. Backhans A and Fellström C. 2012. Rodents on pig and chicken farms – a potential threat to human and animal health. *Infect Ecol Epidemiol*, **2**: 17093.
22. Barceló J y Marco E. 1998. On-Farm biosecurity. **En**: Proceedings of the 15th IPVS Congress. Birmingham (Reino Unido), 5-9 julio, 129-133 pp.

23. Baudon E, Fournié G, Hiep T, Pham T, Duboz R, Gély M, Peiris M, Cowling B, Vu Dinh T, Peyre M. 2017. Analysis of swine movements in a province in Northern Vietnam and application in the design of surveillance strategies for infectious diseases. *Transbound Emerg Dis.* **64**: 411–424.
24. Beam A, Goede D, Fox A, McCool MJ, Wall G, Haley C, Morrison R. 2015. A Porcine Epidemic Diarrhea Virus Outbreak in One Geographic Region of the United States: Descriptive Epidemiology and Investigation of the Possibility of Airborne Virus Spread. *PLOS One*, 10: e0144818.
25. Bellini S., Rutili D., Guberti V. 2016. Preventive measures aimed at minimizing the risk of African swine fever virus spread in pig farming systems. *Acta Vet Scand.* **58**: 82.
26. Bertasio C, Giacomini E, Lazzaro M, Perulli S, Papetti A, Lavazza A, Lelli D, Alborali G, Boniotti M. 2016. Porcine Epidemic Diarrhea Virus Shedding and Antibody Response in Swine Farms: A Longitudinal Study. *Front Microbiol*, 7: 2009.
27. Birgas-Poulin M, Thompson R, Chriel M, Mortensen S, Greiner M, 2007. Relationship of trade patterns of the Danish swine industry animal movements network to potential disease spread. *Prev Vet Med*, **80**, 143–165.
28. Boadella M, Gortázar C, Vicente J, Ruiz-Fons F. 2012. Wild boar: an increasing concern for Aujeszky's disease control in pigs. *BMC Vet Res*, **8**: 7.
29. Bottoms K, Poljak Z, Dewey C, Deardon R, Holtkamp D, Friendship R. 2013. Evaluation of external biosecurity practices on southern Ontario sow farms. *Prev Vet Med*, **109**: 58-68.
30. Bowman A, Nolting J, Nelson S, Bliss N, Stull J, Wang Q, Premanandan C. 2015. Effects of disinfection on the molecular detection of porcine epidemic diarrhea virus. *Vet Microbiol*, **179**:213-8.
31. Canadian Swine Health Board. Technical Committee on Biosecurity. 2010. National Swine Farm-Level Biosecurity Standard. Canadian Swine Health Board Publications. Disponible en: <https://www.cpc-ccp.com>.
32. Carlson S, Barnhill A, Griffith R, Salmonellosis. 2012. En: Diseases of Swine. 10th ed. Editores: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW. Hoboken, New Jersey: Wiley-Blackwell Publishing. 821–833 pp.
33. Carvajal A, Argüello H, Martínez-Lobo F, Costillas S, Miranda R, G de Nova P, Rubio P. 2015. Porcine epidemic diarrhea: new insights into an old disease. *Porcine Health Manag.***1**:12.
34. Casal J, De Manuel A, Mateu E, Martín M. 2007. Biosecurity measures on swine farms in Spain: perceptions by farmers and their relationship to current on-farm measures. *Prev Vet Med.* **82**:138-50.
35. Charrier F, Rossi S, Jori F, Maestrini O, Richomme C, Casabianca F, Ducrot C, Jouve J, Pavio N, M-F Le Potier. 2018. Aujeszky's Disease and Hepatitis E Viruses Transmission between Domestic Pigs and Wild Boars in Corsica: Evaluating the Importance of Wild/Domestic Interactions and the Efficacy of Management Measures. *Front Vet Sci.* **5**: 1
36. Chen Q, Li G, Stasko J, Thomas J, Stensland W, Pillatzki A, Gauger P., Schwartz K, Madson D, Yoon K. 2014. Isolation and characterization of porcine epidemic diarrhea viruses associated with the 2013 disease outbreak among swine in the United States. *J Clin Microbiol*, **52**: 234-243.
37. Christensen LS, Mousing J, Mortensen S, Soerensen KJ, Strandbygaard SB, Henriksen CA, Andersen JB. 1990. Evidence of long-distance airborne transmission of Aujeszky's disease (pseudorabies) virus. *Vet Rec*, **127**:471-474.
38. Christensen LS, Normann P, Thykier-Nielsen S, Sørensen JH, de Stricker K, Rosenørn S. 2005. Analysis of the epidemiological dynamics during the 1982-1983 epidemic of foot-and-mouth disease in Denmark based on molecular high-resolution strain identification. *J Gen Virol*, **86**: 2577-2584.
39. Christley, R., Pinchbeck G, Bowers R, Clancy D, French N, Bennett R, Turner J. 2005. Infection in social networks: using network analysis to identify high-risk individuals. *Am. J. Epidemiol.* **162**: 1024–1031.
40. Colineau y Stark. 2018. **En**: Biosecurity in animal production and veterinary medicine. Editors: Dewulf J y Van Immerseel F. Acco Leuven Publishers, Lovaina (Bélgica).
41. Consortium of the Animal Transport Guides Project (CATGP). 2017. Guide to good practices for the transport of pigs (Revision May 2018). Disponible en: <http://animaltransportguides.eu/wp-content/uploads/2017/03/D3-Pigs-Revised-Final-3.pdf>
42. Corzo C, Mondaca E, Wayne S, Torremorell M, Dee S, Davies P, Morrison R. 2010. Control and elimination of porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Virus Res*, **154**:185-192.
43. Cox J, Crawford W. Revie, Hurnik D, Sanchez J. 2016. Use of Bayesian Belief Network techniques to explore the interaction of biosecurity practices on the probability of porcine disease occurrence in Canada Ruth. *Prev Vet Med*, **131**: 20–30.
44. Daggupaty S, Sellers R. 1990. Airborne spread of foot-and-mouth disease in Saskatchewan, Canada, 1951-1952. *Can J Vet Res.* **54**: 465–468.

45. Davies RH, Wales AD. 2013. Salmonella contamination of cereal ingredients for animal feeds. *Vet Microbiol*, 166: 543-549.
46. Dee S, Cano J, Spronk G, Reicks D, Ruen P, Pitkin A, Polson D. 2012. Evaluation of the long-term effect of air filtration on the occurrence of new PRRSV infections in large breeding herds in swine-dense regions. *Viruses*, 4:654-662.
47. Dee S, Deen J, Burns D, Douthit G, Pijoan C. 2004. An assessment of sanitation protocols for commercial transport vehicles contaminated with porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Can J Vet Res*, 68:208-214.
48. Dee S, Deen J, Rossow K. 2002. Mechanical transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus throughout a coordinated sequence of events during cold weather. *Can J Vet Res*, 66: 232-239.
49. Dee S, Neill C, Singrey A, Clement T, Cochrane R, Jones C, Patterson G, Spronk G, Christopher-Hennings J, Nelson E. 2016. Modeling the transboundary risk of feed ingredients contaminated with porcine epidemic diarrhea virus. *BMC Vet Res*, 12:51.
50. Dee S, Otake S, Oliveira S, Deen J. 2009. Evidence of long-distance airborne transport of porcine reproductive and respiratory syndrome virus and *Mycoplasma hyopneumoniae*. *Vet Res*, 40: 39.
51. Dee S, Torremorell M, Thompson R, Cano J, Deen J, and Pijoan C. 2007. Evaluation of the thermoassisted drying and decontamination system (TADD) for the sanitation of full size transport vehicles contaminated with porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Swine Health Prod*, 15:1218.
52. Dekker A. 2014. Biosecurity and FMD transmission. *Vet Rec*, 168:126-7.
53. Desrosiers R. 2011. Transmission of swine pathogens: different means, different needs. *Anim Health Res Rev*, 12:1-13
54. Dewulf J, Van Immerseel F. 2018. General principles of biosecurity in animal production and veterinary medicine. **En:** Biosecurity in animal production and veterinary medicine. Editores: Dewulf J, Van Immerseel F. Acco Leuven Publishers, Lovaina (Bélgica).
55. Diekmann O, Heesterbeek J, Metz J. 1990. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $R_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *J Math Biol*, 28: 365-382.
56. Dubé C, Ribble C, Kelton D, McNab B. 2009. A review of network analysis terminology and its application to foot-and mouth disease modelling and policy development. *Transbound Emerg Dis*, 56: 73-85.
57. Dunowska M. 2018. Circles of disease transmission. **En:** Biosecurity in animal production and veterinary medicine. Editores: Dewulf J, Van Immerseel F. Acco Leuven Publishers, Lovaina (Bélgica)
58. Egberink H, Addie D, Belák S, Boucraut-Baralon C, Frymus T, Gruffydd-Jones T, Hartmann K, Hosie M, Lloret A, Lutz H, Marsilio F, Pennisi M, Radford A, Thiry E, Truyen U, Horzinek M. 2009. *Bordetella bronchiseptica* infection in cats. ABCD guidelines on prevention and management. *J Feline Med Surg*, 11:610-614.
59. Elbers A., Sregeman J, Jong M. 2001. Factors associated with the introduction of classical swine fever virus into pig herds in the central area of the 1997/1998 epidemic in The Netherlands. *Vet Rec*, 149: 377-382.
60. Ellis-Iversen J, Smith R, Gibbens J, Sharpe C, Dominguez M, Cook A. 2011. Risk factors for transmission of foot and mouth disease during an outbreak in southern England in 2007. *Vet Rec*, 168:128
61. Fedorka-Cray PJ, Hogg A, Gray JT, Lorenzen K, Velasquez J, Von Behren P. 1997. Feed and feed trucks as sources of *Salmonella* contamination in swine. *Swine Health Prod*, 5:189-193.
62. Fellström C, Landén A, Karlsson M, Gunnarsson A, Holmgren N. 2004. Mice as a reservoir of *Brachyspira hyodysenteriae* in repeated outbreaks of swine dysentery in a Swedish fattening herd. **En:** *Proceedings of 18th International Pig Veterinary Society Congress*, Hamburgo (Alemania), junio 28-julio 1, 1:280.
63. Fèvre E, Bronsvoort B, Hamilton K, Cleaveland S. 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends Microbiol*, 14: 125-131.
64. Food and Agriculture Organization of the United Nations/World Organization for Animal Health/World Bank. 2008. Biosecurity for highly pathogenic avian influenza. Issues and options. FAO Animal Production and Health Paper No. 165. Roma (Italia).
65. Food and Agriculture Organization of the United Nations/World Organization for Animal Health/World Bank. 2010. Good practices for biosecurity in the pig sector – Issues and options in developing and transition countries. FAO Animal Production and Health Paper No. 169. Roma (Italia).
66. Fritzmeier J, Teuffert J, Greiser-Wilke I, Staubach C, Schlüter H, Moennig M. 2000. Epidemiology of classical swine fever in Germany in the 1990s. *Vet Microbiol*, 77: 29-41.
67. Frost WH. 1976. Some conceptions of epidemics. *Amer J Epidemiol*, 103: 141-151.

68. Gabardo MP, Sato JPH, Daniel AGS, Andrade MR, Pereira CER, Rezende TP, Otoni LVA, Rezende LA, Guedes RMC. 2017. Evaluation of the involvement of mice (*Mus musculus*) in the epidemiology of porcine proliferative enteropathy. *Vet Microbiol*, **205**:75-79.
69. Gallardo M, De la Torre Reoyo A, Fernández-Pinero J, Iglesias I, Muñoz MJ, Arias ML. 2015. African swine fever: a global view of the current challenge. *Porcine Health Manag.* **1**: 21.
70. Gazzonis A, Marangi M, Villa L, Ragona M, Olivieri E, Zanzani S, Giangaspero A, Manfredi M. 2018. Toxoplasma gondii infection and biosecurity levels in fattening pigs and sows: serological and molecular epidemiology in the intensive pig industry (Lombardy, Northern Italy). *Parasitol Res*, **117**:539-546.
71. Gilbert M, Mitchell A, Bourn J, Mawdsley R, Clifton-Hadley R, Wint W. 2005. Cattle movements and bovine tuberculosis in Great Britain. *Nature*, **435**:491-496.
72. Gillespie A, Grove-White D, Williams H. 2015. Husbandry, health and biosecurity of the smallholder and pet pig population in England. *Vet Rec*, **177**:47.
73. Gloster J, Sellers RF, Donaldson AI. 1982. Long distance transport of foot-and-mouth disease virus over the sea. *Vet Rec*, **110**: 47–52.
74. Goede D y Morrison RB. 2016. Production impact & time to stability in sow herds infected with porcine epidemic diarrhea virus (PEDV). *Prev Vet Med*, **123**:202-207.
75. Goede D, Murtaugh M, Nerem J, Yeske P, Rossow K, Morrison R. 2015. Previous infection of sows with a “mild” strain of porcine epidemic diarrhea virus confers protection against infection with a “severe” strain. *Vet Microbiol*, **176**: 161–164.
76. Gonyou H, Lemay S, Zhang Y. 2006. Effects of the Environment on Productivity and Diseases. **En**: Diseases of Swine. 9th edition. Editores: Straw BE, Zimmerman JJ, D’Allaire S, Taylor DJ. Blackwell Publishing Ltd., Oxford (Reino Unido), 1075-1098 pp.
77. Grantina-Ievina L, Avsejenko J, Cvetkova S, Krastina D, Streikisa M, Steingolde Z, Vevere I, Rodze I. 2018. Seroprevalence of Brucella suis in eastern Latvian wild boars (Sus scrofa). *Acta Vet Scand*, **60**: 19.
78. Guinat C, Gogin A, Blome S, Keil G, Pollin R, Pfeiffer D-U, L Dixon. 2016. Transmission routes of African swine fever virus to domestic pigs: current knowledge and future research directions. *Vet Rec*, **178**: 262–267.
79. Gunn GJ, Heffernan C, Hall M, McLeod A, Hovi M. 2008. Measuring and comparing constraints to improved biosecurity amongst GB farmers, veterinarians and the auxiliary industries. *Prev Vet Med*, **84**: 310-323.
80. Hampson D. 2012. Brachyspiral colitis. **En**: Diseases of Swine. 10th ed. Editores: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW, Wiley-Blackwell Publishing, Hoboken (NJ, EEUU), 681–689 pp.
81. Hanneman RA y Riddle M. 2005. Introduction to social network methods, University of California Press, Riverside (CA, EEUU).
82. Harris D. 1988. New Approaches for the Elimination of Infectious Diseases Swine. **En**: Proceedings of the U.S. Animal Health Association Meeting, Little Rock (AR, EEUU), 3-5 octubre, 416-426 pp.
83. Harris, D. 1990. Isolated Weaning: Eliminating Endemic Disease and Improving Performance. *Large Animal Veterinarian*, 10-12.
84. Harris I, Fedorka-Cray P, Gray J, Thomas L, Ferris K. 1997. Prevalence of *Salmonella* organisms in swine feed. *J Am Vet Med Assoc*, **210**:382–385.
85. Hartmann K, Addie D, Belák S, Boucraut-Baralon C, Egberink H, Frymus T, Gruffydd-Jones T, Hosie MJ, Lloret A, Lutz H, Marsilio F, Möstl K, Pennisi M G, Radford AD, Thiry E, Truyen U, Horzinek MC. 2013. *Toxoplasma gondii* infection in cats: ABCD guidelines on prevention and management. *J Feline Med Surg.*, **15**:631-7.
86. Heffernan C, Nielsen L, Thomson K, Gunn G. 2008. An exploration of the drivers to biosecurity collective action among a sample of UK cattle and sheep farmers. *Prev Vet Med*, **87**: 358-372.
87. Hege R, Zimmermann W, Scheidegger R, Stärk K. 2002. Incidence of reinfections with *Mycoplasma hyopneumoniae* and *Actinobacillus pleuropneumoniae* in pig farms located in respiratory-disease-free regions of Switzerland—identification and quantification of risk factors. *Acta Vet Scand*, **43**:145-56.
88. Hernández-Jover M, Higgins V, Bryant M, Rast L, McShane C. 2016. Biosecurity and the management of emergency animal disease among commercial beef producers in New South Wales and Queensland (Australia). *Prev Vet Med*, **134**: 92-102.
89. Hernández-Jover M, Taylor M, Holyoake P, Dhand N. 2012. Pig producers ‘perceptions of Influenza Pandemic H1N1/09 outbreak and its effect on their biosecurity practices in Australia. *Prev Vet Med*, **106**: 284-294.

90. Hernández-Jover M, Toribio J, Hayes L. 2014. Characterization of smallholder production in Australia. **En:** College Science Week Scientific Meeting, Australian and New Zealand College of Veterinary Scientists, Gold Coast, final report, 4 julio.
91. Higgins V, Bryant M, Hernández-Jover M, Rast L., & C. McShane. 2016. Devolved responsibility and on-farm biosecurity: practices of biosecurity farming care in livestock production. *Sociologia Ruralis*, **58**: 20-39.
92. Holtkamp D, Lin H, Wang C, Polson D. 2013. Development and Validation of an Objective Risk Scoring System for Assessing the likelihood of Virus Introduction in Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus-Free Sow Farms in the US. *Open J Vet Med*, **3**:168-175.
93. Holtkamp D, Myers J, Thomas P, Karkiker L, Ramirez A, Zhang J, Wang C. 2017. Efficacy of an accelerated hydrogen peroxide disinfectant to inactivate porcine epidemic diarrhea virus in swine feces on metal surfaces. *Can J Vet Res*. **81**:100-107.
94. Huang Y, Dickerman A, Piñeiro P, Li L, Fang L, Kiehne R. 2013. Origin, Evolution, and Genotyping of Emergent Porcine Epidemic Diarrhea Virus Strains in the United States. *MBio*. **4**: e00737.
95. Jorsal S, Thomsen B. 1988. A cox regression analysis of risk factors related to *Mycoplasma suis pneumoniae* reinfection in Danish SPF-herds- *Acta Vet Scand* (suppl), **84**:436-438.
96. Jurado C, Martínez-Avilés M, De La Torre A, Štukelj M, Cardoso de Carvalho Ferreira H, Cerioli M, Sánchez-Vizcaíno JM, Bellini S. 2018. Relevant Measures to Prevent the Spread of African Swine Fever in the European Union Domestic Pig Sector. *Front Vet Sci*, **5**: 77.
97. Kao R. 2002. The role of mathematical modelling in the control of the 2001 FMD epidemic in the UK. *Trends in Microbiol*, **6**: 2798-2806.
98. Kao R., Danon L, Green D, Kiss I. 2006. Demographic structure and pathogen dynamics on the network of livestock movements in Great Britain. *Proc Biol Sci*, **273**: 1999–2007.
99. Kaspar Meier R, Ruiz-Fons F, Ryser-Degiorgis M-P. 2015. A picture of trends in Aujeszky's disease virus exposure in wild boar in the Swiss and European contexts. *BMC Vet Res*, **11**: 277.
100. Keeling M y K Eames. 2005. Networks and epidemic models. *J R Soc Interface*, **2**: 295–307.
101. Kendall, D. 1957. Deterministic and stochastic epidemics in closed populations. *Math Statist Prob*. **4**, 149–165.
102. Kim Y, Yang M, Goyal S, Cheeran M, Torremorell M. 2017. Evaluation of biosecurity measures to prevent indirect transmission of porcine epidemic diarrhea virus. *BMC Vet Res*, **13**: 89.
103. Kiss I, Green D, Kao R. 2006. The network of sheep movements within Great Britain: network properties and their implications for infectious disease spread. *J R Soc*, **3**: 669–677.
104. Kocherhans R, Bridgen A, Ackermann M, Tobler K. 2001. Completion of the porcine epidemic diarrhea coronavirus (PEDV) genome sequence. *Virus Genes*, **23**:137-44.
105. Kristensen E. and E Jakobsen. 2011. Danish dairy farmers' perception of biosecurity. *Prev Vet Med*, **99**: 122-129.
106. Jung K, Hu H, Saif L. 2016. Porcine deltacoronavirus infection: etiology, cell culture for virus isolation and propagation, molecular epidemiology and pathogenesis. *Virus Res*, **226**: 50–59.
107. Laanen M, Bee J, Ribbens S, Vangroenweghe F, Maes D, Dewulf J. 2010. Biosecurity in pig herds: development of an on-line scoring system and the results of the first 99 participating herds. *Vlaams Diergeneeskd Tijdschr*, **79**: 302-306.
108. Laanen M, Persoons D, Ribbens S, De Jong E, Callens B, Strubbe M, Maes D, Dewulf J. 2013. Relationship between biosecurity and production/antimicrobial treatment in pig herds. *Vet J*, **198**:508-512.
109. Larson D. 1979. Transmissible gastroenteritis in neonatal dogs: experimental intestinal infection with transmissible gastroenteritis virus. *Am J Vet Res*, **40**: 477-86.
110. Lee K, Polson D, Lowe E, Main R, Holtkamp D, Martínez-López B. 2017. Unraveling the contact patterns and network structure of pigshipments in the United States and its association with porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) outbreaks. *Prev Vet Med*, **138**:113–123.
111. Lentz H, Koher A, Hövel P, Gethmann J, Sauter- Louis C, Selhorst T, Conraths F. 2016. Disease Spread through Animal Movements: A Static and Temporal Network Analysis of Pig Trade in Germany. *PLOS One*, **11**: e0155196.
112. Leslie E, Geong M, Abdurrahman M, Ward M, Toribio J. 2016. Live pig markets in eastern Indonesia: Trader characteristics, biosecurity and implications for disease spread. *Acta Trop*, **155**: 95–103.
113. Lewerin S, Osterberg J, Alenius S, Elvander M, Fellström C, Travén M, Wallgren P, Waller K, Jacobson M. 2015. Risk assesment as a tool for improving external biosecurity at farm level. *BMC Vet Res*, **11**:171.

114. Lichoti J, Davies J, Kitale P, Githigia S, Okoth E, Maru Y, Bukachi SA, Richard P, Bishop R. 2016. Social network analysis provides insights into African swine fever epidemiology. *Prev Vet Med*, **126**:1–10.
115. Lin C, Saif L, Marthaler D, Wang Q. 2016. Evolution, antigenicity and pathogenicity of global porcine epidemic diarrhea virus strains. *Virus Res*. 226:20–39
116. Lowe J, Gauger P, Harmon K, Zhang J, Connor J, Yeske P, Loula T, Levis I, Dufresne L, Main R. 2014. Role of transportation in spread of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infection, United States. *Emerg Infect Dis*, **20**: 5.
117. Lurette A, Touzeau S, Ezanno P, Hock T, Seegers H, Fourichon C, Belloc C. 2011. Within-herd biosecurity and Salmonella prevalence in slaughter pigs: simulation study. *J Anim Sci*, **89**: 7.
118. Ma Y, Zhang Y, Liang X, Oglesbee M, Krakowka S, Niehaus A, Wang G, Jia A, Song H, Li J. 2016. Two-way antigenic cross-reactivity between porcine epidemic diarrhea virus and porcine deltacoronavirus. *Vet Microbiol*, **186**:90–96.
119. Macdonald G. 1952. The analysis of equilibrium in malaria. *Trop Dis Bull*, **49**: 813–829.
120. Macdonald G. 1957. The Epidemiology and Control of Malaria. Oxford University Press; Londres (Reino Unido), p 201.
121. Maes D, Duchateau L, Larriestra A, Deen J, Morrison RB, de Kruif A. 2004. Risk factors for mortality in grow-finish piglets in Belgium. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health*. **51**:321–326.
122. Mannion C, Egan J, Lynch BP, Fanning S, Leonard N. 2008. An investigation into the efficacy of washing trucks following the transportation of pigs—a salmonella perspective. *Foodborne Pathog Dis*, **5**:261–71.
123. Mansley L, Dunlop P, Whiteside S, Smith R. 2003. Early dissemination of foot-and-mouth disease virus through sheep marketing in February 2001. *Vet Rec*, **153**: 43–50.
124. Marquetoux N, Stevenson M, Wilson P, Ridler A, Heuer C. 2016. Using social network analysis to inform disease control interventions. *Prev Vet Med*, 126: 94–104.
125. Marthaler D, Homwong N, Rossow K, Culhane M, Goyal S, Collins J. 2014. Rapid detection and high occurrence of porcine rotavirus A, B, and C by RT-qPCR in diagnostic samples. *J Virol*, **209**: 30–34.
126. Martínez-López B, Pérez A, De la Torre A, Rodríguez J. 2008. Quantitative risk assessment of foot-and-mouth disease introduction into Spain via importation of live animals. *Prev Vet Med*, **86**: 43–56.
127. Martínez-López B, Pérez A, Sánchez-Vizcaino J. 2009a. Combined application of social network and cluster detection analyses for temporal-spatial characterization of animal movements in Salamanca, Spain. *Prev Vet Med*, **91**: 29–38.
128. Martínez-López B, Pérez A, Sánchez-Vizcaino J. 2009b. Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *Transbound Emerg Dis*, **56**: 109–120.
129. McCaw M. 2000. Effect of reducing cross-fostering at birth on piglet mortality and performance during an acute outbreak of porcine reproductive respiratory syndrome. *J Swine Health Prod*, **8**:15–21.
130. McOrist S, Gebhart C. Proliferative enteropathy. 2012. **En**: Diseases of Swine. 10th ed. Editores: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW. Wiley-Blackwell Publishing, Hoboken (NJ, EEUU), 811–819 pp.
131. Meng X, Lindsay D, N. Sriranganathan. 2009. Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, **364**: 2697–2707.
132. Milgram S. 1967. "The Small World Problem". *Psychol Today*, **2**: 60–67.
133. Miller, W 1976. A state-transition model of epidemic foot and mouth disease. **En**: New techniques in veterinary epidemiology and economics. Editores: Ellis PR, Shaw APM y Stephens AJ, 56–71 pp
134. Miller J, Burton K, Fund J, Self A. 2017. Process Review for Development of Quantitative Risk Analyses for Transboundary Animal Disease to Pathogen-Free Territories. *BioRes Open Access*, **6**: 133–140.
135. Moening V. 2015. The control of classical swine fever in wild boar. *Front Microbiol*, **6**: 1211.
136. Muirhead M y Alexander T. 1997. Managing pig health and the treatment of disease: a reference for the farm. 5m Publishing, Sheffield (Reino Unido).
137. Nantima N, Davies J, Dione M, Ocaido M, Okoth E, Mugisha A, Bishop R. 2016. Enhancing knowledge and awareness of biosecurity practices for control of African swine fever among smallholder pig farmers in four districts along the Kenya-Uganda border. *Trop Anim Health Prod*, **48**: 727–734.
138. Natale F, Giovannini A, Savini L, Palma D, Possenti L, Fiore G, Calistri P. 2009. Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev Vet Med*, **92**: 341–350.

139. Nathues C, Zimmerli U, Hauser R, Nathues H, Grosse Beilage E, Schüpbach-Regula G. 2014. Risk Assessment of the Introduction of Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus via Boar Semen into Switzerland as an Example of a PRRSV-Free Country. *Transbound Emerg Dis*, **61**: 546–554.
140. Newman M. 2002. Spread of epidemic disease on networks. *Phys Rev E Stat Nonlin Soft Matter Phys*, **66**: 016128
141. Niederwerder M, Hesse R. 2018. Swine enteric coronavirus disease: a review of 4 years with porcine epidemic diarrhoea virus and porcine deltacoronavirus in the United States and Canada. *Transbound Emerg Dis*, **65**:660-675.
142. Nöremark M, Håkansson N, Lewerin S, Lindberg A, Jonsson A. 2011. Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: Measures relevant for disease control and risk-based surveillance. *Prev Vet Med*, **99**: 78–90.
143. Nöremark M, Lewerin S, Ernholm L, Frössling J. 2016. Swedish farmers' opinions about biosecurity and their intention to make professionals use clean protective clothing when entering the stable. *Front Vet Sci*, **3**: 46.
144. Nöremark M, Lindberg A, Vagsholm I, Lewerin S. 2009. Diseases awareness information retrieval and change in biosecurity routines among pig farmers in association with the first PRRS outbreak in Sweden. *Prev Vet Med*, **90**: 1-9.
145. Olugasa B and Ijagbone I. 2007. Pattern of spread of African swine fever in south-western Nigeria, 1997-2005. *Vet Ital*, **43**:621-8.
146. Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), 2004. Handbook on import Risk Analysis for Animals and Animal Products, Quantitative risk assessment, **2**:74. Publicaciones de la OIE, París (Francia).
147. Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). 2006. Código Sanitario para los Animales Terrestres. Décimoquinta edición. Publicaciones de la OIE, París (Francia).
148. Ortiz-Pelaez A, Pfeiffer D, Soares-Magalhães R, Guitian F. 2006. Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev Vet. Med*, **76**: 40–55.
149. Ospina-Pinto C, Rincón-Pardo M, Soler-Tovar D, Hernández-Rodríguez P. 2017. Papel de los roedores en la transmisión de *Leptospira* spp. en granjas porcinas. *Rev Salud Publica (Bogota)*, **19**: 555-561.
150. Otake S, Dee S, Corzo C, Oliveira S, Deen J. 2010. Long distance airborne transport of infectious PRRS virus and *Mycoplasma hyopneumoniae* from a swine population infected with multiple viral variants. *Vet Microbiol*, **145**: 198–208.
151. Otake S, Dee S, Jacobson L, Torremorell M, Pijoan C. 2002a. Evaluation of aerosol transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus under controlled field conditions. *Vet Rec*, **150**: 804–808.
152. Otake S, Dee SA, Rossow KD, Deen J, Joo HS, Molitor T, Pijoan C. 2002b. Transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus by fomites (boots and coveralls). *Swine Health Prod*, **10**: 59–65.
153. Otake S, Dee SA, Rossow K, Moon R, Trincado C, Pijoan C. 2003. Transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus by houseflies (*Musca domestica*). *Vet Rec*, **152**:73-6.
154. Pan Y, Tian X, Qin P, Wang B, Zhao P, Yang YL, Wang L, Wang D, Song Y, Zhang X, Huang YW. 2017. Discovery of a novel swine enteric alphacoronavirus (SeACoV) in southern China. *Vet Microbiol*, **211**:15-21.
155. Pandolfi F, Edwards S, Maes D, Kyriazakis I. 2018. Connecting Different Data Sources to Assess the Interconnections between Biosecurity Health Welfare and Performance in Commercial Pig Farms in Great Britain. *Front Vet Sci*, **5**: 41.
156. PIC® Genetics. 2015. Manual de manejo de cerdas primerizas.
157. Pearson H, Toribio J, Lapidge S, Hernández-Jover M. 2016. Evaluating the risk of pathogen transmission from wild animals to domestic pigs in Australia. *Prev Vet Med*, **123**:39-51.
158. Pensaert M, Debouck P. 1978. A new coronavirus-like particle associated with diarrhoea in swine. *Arch Virol*, **58**: 243–247.
159. Pensaert MB y Yeo SG. 2006. Porcine epidemic diarrhea. **En**: Diseases of Swine. 9th edition. Editores: Straw BE, Zimmerman JJ, D'Allaire S, Taylor DJ. Blackwell Publishing Ltd., Oxford (Reino Unido), 363-372 pp.
160. Pileri E y Mateu E. 2016. Review on the transmission porcine reproductive and respiratory syndrome virus between pigs and farms and impact on vaccination. *Vet Res*, **47**:108.
161. Piltchard E. 1965. Experimental transmission of transmissible gastroenteritis virus by starlings. *Am J Vet Res*, **26**:1177-9117.
162. Pitkin A, Deen J, and Dee S. 2009a. Further assessment of fomites and personnel as vehicles for the mechanical transport and transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus. *Can J Vet Res*, **73**: 298–302.



163. Pitkin A, Otake S, Dee S. 2009b. Biosecurity protocols for the prevention of spread of porcine reproductive and respiratory syndrome virus. Swine Disease Eradication Center University of Minnesota College of Veterinary Medicine. 1–17.
164. Postma M, Backhans A, Collineau L, Loesken S, Sjölund M, Belloc C, Emanuelson U, grosse Beilage E, Nielsen EO, Stärk K. 2016a. Evaluation of the relationship between the biosecurity status, production parameters, herd characteristics and antimicrobial usage in farrow-to-finish pig production in four EU countries. *Porc Health Manag*, **2**:1.
165. Postma M, Backhans A, Collineau L, Loesken S, Sjölund M, Belloc C, Emanuelson U, Grosse Beilage E, Stärk K., Dewulf J. 2016b. The biosecurity status and its associations with production and management characteristics in farrow-to-finish pig herds. *Animal*, **10**: 478-489.
166. Postma M, Vanderhaeghen W, Sarrazin S, Maes D, Dewulf J. 2017. Reducing antimicrobial usage in pig production without jeopardizing production parameters. *Zoonoses Public Health*. **64**:63–74.
167. Prichard G, Dennis I, Waddilove J. 2005. Biosecurity: reducing disease risks to pig breeding herds. In practice, **27**: 230-237.
168. Raasch S, Postma M, Dewulf J, Stärk K, Grosse Beilage E. 2018. Association between antimicrobial usage, biosecurity measures as well as farm performance in German farrow-to-finish farms. *Porcine Health Manag*, **4**:30
169. Racicot M, Venne D, Durivage A, Vaillancourt J. 2012. Evaluation of the relationship between personality traits, experience, education and biosecurity compliance on poultry farms in Québec, Canada. *Prev Vet Med*, **103**: 201-207.
170. Rajao D, Vincent A, Pérez D. 2019. Adaptation of Human Influenza Viruses to Swine. *Front Vet Sci*, **5**: 347.
171. Renault V, Humblet M, Moons V, Bosquet G, Gauthier B, Cebrián L, Casal J, Saegerman C. 2018. Rural veterinarian's perception and practices in terms of biosecurity across three European countries. *Transbound Emerg Dis*, **65**: e183-e193.
172. Ribbens S, Dewulf J, Koenen F, Mintiens K, De Sadeleer L, de Kruijff A, Maes D. 2008. A Survey on biosecurity and management practices in Belgian pig herds. *Prev Vet Med*, **83**: 228-241.
173. Robinson S, Christley R. 2017. Exploring the role of auction markets in cattle movements within Great Britain. *Prev Vet Med*, **81**: 21–37.
174. Robinson S, Everett M. 2007. Recent network evolution increases the potential for large epidemics in the British cattle population. *J R Soc Interface*, **4**: 669–674.
175. Rojo-Gimeno C, Postma M, Dewulf J, Hogeveen H, Lauwers L, Wauters E. 2016. Farm-economic analysis of reducing antimicrobial use whilst adopting improved management strategies on farrow-to-finish pig farms. *Prev Vet Med*, **129**:74–87.
176. Rosendal T. 2011. The spread of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) by genotype and the association between genotype and clinic signs in Ontario, Canada 2004–2007 [PhD dissertation]. Chapter 2: Investigation of risk factors for presence of porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) in Ontario pig herds. Guelph, Ontario: University of Guelph.
177. Ross R. 1911. The prevention of malaria (with addendum on the theory of happenings). 2<sup>nd</sup> Edition. John Murray Publisher, Londres (Reino Unido).
178. Saif L, Pensaert M, Sestak K, Sang-Geon Y, Kwonil J. 2012. Coronaviruses. En: Diseases of Swine. 10th ed. Editores: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW. Hoboken, New Jersey. Wiley-Blackwell Publishing: 503–514 pp.
179. Salines M, Andraud M, Rose N. 2018. Combining network analysis with epidemiological data to inform risk-based surveillance: Application to hepatitis E virus (HEV) in pigs. *Prev Vet Med*, **149**:125-131.
180. Simon-Grifé M, Martín-Valls GE, Vilar-Ares MJ, García-Bocanegra I, Martín M, Mateu E, Casal J. 2013. Biosecurity practices in Spanish pig herds: perceptions of farmers and veterinarians of the most important biosecurity measures. *Prev Vet Med*, **110**: 223-31.
181. Scheidt AB, Cline TR, Clark LK, Mayrose VB, Van Alstine VG, Diekman MA, et al. 1990. The effect of all-in-all-out growing-finishing on the health of pigs. *Swine Health Prod*, **3**:202–5.
182. Schembria, Hernandez-Jover M, Toribio J, Holyoake P. 2015. On-farm characteristics and biosecurity protocols for small-scale swine producers in eastern Australia. *Prev Vet Med*, **118**:104–116.
183. Schley D, Burgin L, Gloster J. 2009. Predicting infection risk of airborne foot-and-mouth disease. *J R Soc Interface*. **6**: 455–462.
184. Schulz J, Boklund A, Halasa T, Toft N, H. H. K. Lentz. 2017. Network analysis of pig movements: Loyalty patterns and contact chains of different holding types in Denmark. *PLOS One*, **12**: e0179915.

185. Scott A, McCluskey B, Brown-Reid M, Grear D, Pitcher P, Ramos G, Spencer D, Singrey A. 2016. Porcine epidemic diarrhoea virus introduction into the United States: Root cause investigation. *Prev Vet Med*, **123**:192-201.
186. Skov M, Madsen J, Rahbek C, Lodal J, Jespersen J, Jørgensen JC, Dietz H, Chriél M, Baggesen DL. 2008. Transmission of Salmonella between wildlife and meat-production animals in Denmark. *J Appl Microbiol*, **105**:1558-68.
187. Smith R, Cook A, Christley R. 2013. Descriptive and social network analysis of pig transport data recorded by quality assured pig farms in the UK. *Prev Vet Med*, **108**:167-177.
188. Song D, Park B. 2012. Porcine epidemic diarrhoea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis, and vaccines. *Virus Genes*, **44**:167-75.
189. Spronk G, Otake S, Dee S. 2010. Prevention of PRRSV infection in large breeding herds using air filtration. *Vet Rec*, **166**:758-9.
190. Stärk K.D.C. 1999. The Role of Infectious Aerosols in Disease Transmission in Pigs. *Vet J*, **158**: 164-181.
191. Stärk K, Regula G, Hernandez J, Knopf L, Fuchs K, S Morris R, Davies P. 2006. Concepts for risk-based surveillance in the field of veterinary medicine and veterinary public health: Review of current approaches. *BMC Health Serv Res*, **6**:20.
192. Stevenson G, Hoang H, Schwartz K, Burroughs E, Sun D, Madson D. 2013. Emergence of porcine epidemic diarrhoea virus in the United States: clinical signs, lesions, and viral genomic sequences. *J Vet Diagn Invest*, **25**: 649-654.
193. Sugiura K, Haga T. 2018. A rapid risk assessment of African swine fever introduction and spread in Japan based on expert opinions. *J Vet Med Sci*, **80**: 1743-1746.
194. Sun R, Cai R, Chen Y, Liang P, Chen D, Song C. 2012. Outbreak of porcine epidemic diarrhoea in suckling piglets, China. *Emerg Infect Dis*, **18**:161-163.
195. Sun R, Leng Z, Dekun C, Song C. 2014. Multiple factors contribute to persistent porcine epidemic diarrhoea infection in the field: an investigation on porcine epidemic diarrhoea repeated outbreaks in the same herd. *J Anim Vet Adv*, **13**:410-415.
196. Thakur K, Crawford K, Revie W, Hurnika D, Poljak Z, Sanchez J. 2015. Simulation of between-farm transmission of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Ontario, Canada using the North American Animal Disease Spread Model. *Prev Vet Med*, **118**: 413-426
197. Thomas J, Chen Q, Gauger P, Gimenez-Lirola L, Sinha A, Harmon K. 2015. Effect of porcine epidemic diarrhoea virus infectious doses on infection outcomes in naive conventional neonatal and weaned pigs. *PLoS One*, **10**: e0139266.
198. Thrusfield M. 2005. Veterinary epidemiology. 2nd Edition, Blackwell Science, Oxford (Reino Unido), 117-198 pp.
199. Torremorell M, Geiger Jo, Thompson B, Christianson W. 2004. Evaluation of PRRS outbreaks in negative herds. **En**: Proceedings of 18th International Pig Veterinary Society Congress, Hamburgo (Alemania), junio 28-julio, **1**:103.
200. Twoney D, Miller A, Snow L, Armstrong J, Davies R, Williamson S, Featherstone C, Reichel R, Cook A. 2010. Association between biosecurity and Salmonella species prevalence on English pig farms. *Vet Record*, **166**: 722-724.
201. VanderWaal K, Perez A, Torremorell M, Morrison R, Craft M. 2018. Role of animal movement and indirect contact among farms in transmission of porcine epidemic diarrhoea virus. *Epidemics*, **24**:67-75.
202. Wang J, Zhao P, Guo L, Liu Y, Du Y, Ren S, et al. 2013. Porcine epidemic diarrhoea virus variants with high pathogenicity, China. *Emerg Infec Dis*, **19**:2048-9.
203. Wang Q, Vlasova A, Kenney S, Saif L. 2019. Emerging and re-emerging coronaviruses in pigs. *Virology*, **34**:39-49.
204. Wasserman S y Faust K. 1994. Social Network Analysis: Methods and Applications, Cambridge University Press, Cambridge (Reino Unido). 825 pp.
205. Wathes, C, Zaidan, W, Pearson, G, Hinton M, Todd, N. 1988. Aerosol infection of calves and mice with Salmonella typhimurium. *Vet J*, **123**: 590-4.
206. Watts, DJ y Strogatz SH. 1998. Collective dynamics of “small-world” networks. *Nature*, **393**: 440-442.
207. Webb C, 2005. Farm animal networks: unravelling the contact structure of the British sheep population. *Prev Vet Med*, **68**: 3-17.
208. Weng L, Weersink A, Poljak Z, de Lange K, von Massow M. 2016. An economic evaluation of intervention strategies for Porcine Epidemic Diarrhoea (PED). *Prev Vet Med*, **134**: 58-68.
209. Woeste K, Grosse Beilage E. 2007. Transmission of agents of the porcine respiratory disease complex (PRDC) between swine herds: a review. Part 2--Pathogen transmission via semen, air and living/nonliving vectors. *Dtsch Tierarztl Wochenschr*, **114**:364-6, 368-73.

210. Woo P, Lau S, Lam C, Lau C, Tsang A, Lau J. 2012. Discovery of seven novel mammalian and avian coronaviruses in Deltacoronavirus supports bat coronaviruses as the gene source of Alphacoronavirus and Betacoronavirus and avian coronaviruses as the gene source of Gammacoronavirus and Deltacoronavirus. *J Virol*, **32**:3995–4008.
211. Wood EN. 1997. An apparently new syndrome of porcine epidemic diarrhea. *Vet Rec*, **100**: 243: 244.
212. Wood R and Shuman R. 1981. Erysipelothrix infection. **En: Infectious Diseases of Wild Mammals**, 2d ed. Editores: Davis JW, Karstad LH, Trainer DO. Iowa State Univ Press, Ames (IO, EEUU), 297-305 pp.
213. Woods A. 2011. A historical synopsis of farm animal disease and public policy in twentieth century Britain *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, **366**: 1943–1954.
214. Woolhouse, M, Dye C, Etard J-F, Smith T, Charlwood J, Garnett G, Hagan P, HII J, Ndhlovu P, Quinnell R, Watts C, Chandiwana, Anderson R. 1997. Heterogeneities in the transmission of infectious agents: Implications for the design of control programs. *Proc Natl Acad*, **94**: 338-342.
215. Woolhouse M, Shaw D, Matthews L, Liu W, Mellor D, Thomas M. 2005. Epidemiological implications of the contact network structure for cattle farms and the 20–80 rule. *Biol Lett*, **1**: 350–352.
216. Zhang J. 2016. Porcine deltacoronavirus: overview of infection dynamics, diagnostic methods, prevalence and genetic evolution. *Virus Res*, **226**:71-84.
217. Zhou Y , Wu Y, Zhu J, Tong W, Yu H, Jiang Y, Tong G. 2012. Complete genome sequence of a virulent porcine epidemic diarrhea virus strain. *J. Virol*, **86**:13862.
218. Zimmerman J, Benfield DA, Dee SA, et al. 2012. Porcine reproductive and respiratory syndrome virus (Porcine Arterivirus). **En: Diseases of Swine**. 10th ed. Editores: Zimmerman JJ, Karriker LA, Ramirez A, Schwartz KJ, Stevenson GW. Hoboken, New Jersey: Wiley-Blackwell Publishing, 461–486 pp.
219. Zimmerman JJ, Yoon KJ, Pirtle EC, Wills RW, Sanderson TJ and McGinley MJ 1997. Studies of porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS) virus infection in avian species. *Vet Microbiol*, **55**: 329–336.

## **2.OBJETIVOS**



**Objetivo General:**

El objetivo general de esta tesis es conocer cuál es la situación de la producción porcina industrial en Argentina con respecto a la posible diseminación de enfermedades en ella.

**Objetivos Específicos:**

1. Caracterizar la bioseguridad de las granjas argentinas mediante: i) la descripción de las medidas aplicadas en las granjas; ii) identificación y caracterización de las tipologías de granjas de cerdos basadas en el nivel de aplicación de las medidas de bioseguridad y; iii) evaluación de su nivel de bioseguridad.
2. Describir la red de movimientos de la población de cerdos en Argentina como parámetro de estimación del patrón de diseminación de patógenos.
3. Identificar aquellas granjas con un mayor potencial de diseminación de un patógeno que ingresara en la pirámide productiva argentina y correlacionar este potencial con su nivel de bioseguridad.



## **3.ESTUDIO I**





## **Biosecurity Assessment of Argentinian Pig Farms**

### **Preventive Veterinary Medicine (In press)**

#### **Abstract**

The pig industry is growing very fast in Argentina with an increasing need for replacement animals, feedstuff and transportation of animals. One of the main competitive advantages of the Argentinian pig industry is its being free of most major pig diseases. Within this context, applying measures aimed to reduce the risk of introduction and spread of pathogens is critical. The aim of the present study was to assess the biosecurity of Argentinian pig farms. Two types of farms were assessed: firstly, all official suppliers of high-genetic-value (n=110) and secondly, a sample from commercial farms (n=192). Data on the external and internal biosecurity practices applied on the farms was collected with a questionnaire. Data was analysed using a correspondence analysis and a hierarchical clustering analysis, which allowed identification of types of farms with regard to the biosecurity measures applied. Key variables characterizing the clusters were identified through an indicator value analysis. In addition, the external biosecurity of the farms was evaluated by using risk assessment tools with respect to the potential introduction of porcine epidemic diarrhoea virus. Results made evident three clusters: the first one which, amongst other measures, applied several barriers to prevent the entry of people, trucks and other vehicles, and could be considered as a group of high biosecurity, and the two other groups which applied a lower number of external and internal biosecurity measures. The results of the risk assessment showed that the routes with the highest risk of disease introduction were: replacement animals, vehicles transporting feed or animals, and visitors. The assessment of the external biosecurity showed that most Argentinian farms were not prepared for the contingency of a pathogen such as porcine epidemic diarrhoea virus. Special efforts should be made in official suppliers of high-genetic-value farms with poor biosecurity scores since they are at the top of the pig production chain and can be key for the spread of diseases.

**Key words:** Pigs, biosecurity, correspondence analysis, cluster analysis, risk assessment, porcine epidemic diarrhoea virus

## 1. Introduction

Biosecurity is defined as the “... implementation of measures that reduce the risk of the introduction and spread of disease agents; it requires the adoption of a set of attitudes and behaviours by people to reduce risk in all activities involving domestic, captive/exotic and wild animals and their products” (FAO, 2008). At the farm level, biosecurity measures may focus either on reducing the risk of entry of new pathogens (external biosecurity) or on reducing the internal dissemination of pathogens (internal biosecurity) (FAO, 2010).

Biosecurity is founded on knowledge of the epidemiology of transmissible diseases, including the duration of the contagiousness period in infected animals, the main routes of pathogen shedding, the survival of the pathogen in the environment, and the routes of infection. This knowledge allows technically appropriate measures to be designed. However, it is also important to consider the socioeconomic aspects of proposed measures, as these will have an impact on their compliance (FAO, 2010).

In pig farms, a lack of biosecurity measures or the application of poorly chosen ones may lead to several disease outbreaks, including foot and mouth disease (FMD), classical swine fever (CSF), Aujeszky’s disease, and porcine epidemic diarrhoea (PED) (Elbers *et al.* 2001, Amass *et al.*, 2004, Olugasa and Ijagbone, 2007, Ellis-Iversen *et al.*, 2011, Dekker *et al.*, 2014, Lowe *et al.* 2014, Kim *et al.*, 2017).

Argentina has a very strong tradition of livestock production, mainly for beef. However, in recent years, pig production has been growing at a rate of >5% per year, reaching about 1 million in commercial and genetic farms in 2017, of which around 255,000 were in medium and large farms, according to official statistic (<http://www.senasa.gob.ar/cadena-animal/porcinos/informacion/informesyestadisticas>).

One of the competitive advantages of Argentinian pig production is that it is free of some of the most important pig diseases, such as the porcine reproductive and respiratory syndrome (PRRS) (Monterubbianesi *et al.*, 2016, Carpinetti *et al.*, 2017), CSF, FMD, and PED, which are still present in many countries of South America ([http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation)).

However, the sustained growth and the high intensification of the new farms create a need for more replacement animals of higher genetic value and more movement to and from farms to ship the animals and the feedstuff. Within this scenario the need to apply more biosecurity measures is evident. Based on the above, the aim of the present study was to assess the biosecurity of Argentinian pig farms by: i) describing the biosecurity measures applied in pig farms supplying replacement animals;

ii) identifying typologies of farms based on the level of application of biosecurity measures; and iii) evaluating their external biosecurity with risk assessment tools.

## **2. Material and methods**

### **2.1. Farms, data collection and validation of the questionnaires**

The survey was conducted in Argentinian pig farms in 2015 and 2016 included two studies. The first one, carried out during 2015, comprised all the farms officially registered by the Argentinian authorities as companies supplying breeders of high genetic value (n=110). These farms were geographically distributed as follows: 38 (34.5%) in Buenos Aires province, 30 (27.2%) in Córdoba province, 18 (16.3%) in Santa Fe province, 5 (4.5%) in Entre Ríos province - these being the main pig-producing provinces in Argentina - and the remaining 19 farms (17.5%) in Chaco, Chubut, San Juan, Neuquén, La Pampa, La Rioja, Río Negro, and San Luis provinces. The second study, performed during 2016, focused on the evaluation of 355 commercial farms, 319 of which had 100-500 sows (125 in Buenos Aires province, 93 in Córdoba province, 21 in Entre Ríos province, and 80 in Santa Fe province) and 36 had  $\geq 500$  sows (12 in Buenos Aires province, 14 in Córdoba province, 4 in Entre Ríos province, and 6 in Santa Fe province). Of both kinds of (genetic and commercial) farms, 98-98.5 % operated as farrow-to-finish farms while the remaining 1.5-2% were exclusively breeding and nursery farms. In this second study, the sample size (n=355) was calculated considering a variation in the frequency of application of biosecurity measures of 50%, a confidence level of 95%, and a 5% accuracy. The study population (i.e. farms with more than 100 sows/farm) was classified by province and number of sows on the farm. The farms included in the study were randomly selected within each class based on the official registry number of each farm.

The questionnaire used for collecting data on the biosecurity measures applied was the same for both the genetic and commercial farms. This questionnaire included a total of 126 questions and was divided into sections, including: a) general data of the farm such as location, number of sows, distance to neighbouring farms, etc., b) external biosecurity measures related to replacement animals, vehicles, visitors and geographic risk (e.g. perimeter fence), and c) internal biosecurity measures as regards to management, installations, cleaning and personnel routines. Supplementary Table S1 shows the number of questions for the different categories included in the questionnaire.

A draft questionnaire was first tested for clarity and adequacy in four farms (two with >100 sows and two with  $\geq 500$  sows) by means of a personal interview with the farmer. After making some

amendments, the questionnaire (available in Spanish on request) and the guidelines for completing it, were distributed through the Argentinian National Service for Health and AgriFood Quality (SENASA) to veterinary officers, who visited the farms and supervised the collection of the data. Before the on-farm data collection, the veterinarians in charge of that task attended a workshop where they were instructed on the correct way to complete the questionnaire.

Since it was the first time that this type of survey was carried out at a national level, in the first study, two thirds of the questionnaires were verified by means of a telephone call to the farmer, the veterinarians, and the laboratories. This was done to assess the quality of the information collected. Data was stored in a database created with the Epi Info software (Dean *et al.*, 2011). In the second study, using the same questionnaire, and given the results of the assessment from the first survey which showed no major discrepancies between submitted and checked data, the collected data was not verified.

## **2.2. Assessment of farm type based on the biosecurity measures applied**

About 40% (50/125) of the questions were excluded from this analysis because they were determined to be redundant to the main question or had had a relatively low rate of response. Variables which were included in this analysis can be found in the Supplementary Tables S2a and S2b. Since most of the questions were categorical, continuous variables (4/70) were categorized to allow a similar analysis for the entire questionnaire. The frequency of application of the different biosecurity measures were calculated and the confidence interval for the resulting proportions were estimated using the VassarStats website (<http://vassarstats.net/>), whose calculations are based on methods described by Newcombe *et al.* (1998). To explore the existence of farms with different models of external and internal biosecurity measures, a correspondence analysis and a hierarchical grouping analysis were performed. To avoid the bias derived from the fact that some farms used only external replacement stock while others used only internal replacements, data were analysed in two ways: 1) including all farms disregarding variables related to replacement animals and 2) those farms with external replacements exclusively.

The Multi-Response Permutation Procedure Test (MRPP), a nonparametric method to test multivariate differences among pre-defined groups, was used to test the statistical significance of the clusters. After determining the existence of different significant clusters, an indicator value analysis was performed (Dufrene and Legendre, 1997) to determine which variables could significantly characterize each group. The observed Indicator Value (OIV) of variable I in group p is the product of two quantities:  $A \cdot B$ , where  $A = n_p/n$  and  $B = n_p/N_p$  ( $N_p$ : total number of farms belonging to group

p (target farms group), n: number of occurrences of the variable I among all farms, np: number of occurrences of the variable I among the target farms group p). Then A is the proportion of farms with security variable I that belong to the target group p and B is the relative frequency of the variable i among the farms belonging to the target group p (Caceres and Legendre, 2009). All the analyses were done using the PC ORD v6 software (Mc Cune *et al.*, 2011).

### **2.3. Evaluation of the external biosecurity by using risk assessment tools**

To evaluate the external biosecurity of the herds, we used the risk assessment tool developed by Allepuz *et al.* (2018) in a hypothetical scenario of an epidemic episode of porcine epidemic diarrhoea virus (PEDV) in Argentina. PEDV is a highly contagious enteric virus of pigs transmitted by the fecal-oral route. In farms with no previous immunity, suckling piglets suffer severe watery diarrhoea with fatality rates reaching 50-100% (Straw *et al.*, 2006). The above-mentioned approach allowed both the estimation of a score for the annual probability of disease introduction and to decide where to concentrate the effort to reduce this risk. Briefly, the approach comprises five steps: i) identifying the possible routes of disease introduction and key parameters for each route (e.g. herd prevalence and within-herd prevalence in affected farms); ii) calculating a score for the probability of each route harbouring the disease agent upon arrival at the farm; iii) conducting an expert opinion workshop to obtain a score for the different input parameters; iv) calculating the risk mitigation (reduction of the probability of introduction by a given route after applying a biosecurity measure); and v) calculating a final score of the probability of disease introduction for each route.

Based on the epidemiology of PEDV and on the Argentinian context, six routes of introduction of the disease were considered: i) replacement animals, ii) vehicles transporting replacement animals, iii) vehicles transporting animals to the slaughterhouse, iv) vehicles transporting feed, v) people visiting the farm, and vi) geographical risk (i.e. from a neighbouring farm, a slaughterhouse or a road). The risk associated with trucks transporting cadavers or manure was not considered since in Argentina each farm eliminates these materials by itself (e.g. through pits, composting, etc.). Parameters considered for the arrival of PEDV at the farm through the different routes are described in the Supplementary Table S3. An expert opinion workshop aiming to obtain the scores for the different input parameters was carried out following the OIE recommendations (OIE, 2004). The workshop was a one-day meeting with 18 veterinarians and researchers actively involved in swine practice and animal health in Argentina. The Supplementary Table S4 provides details of the selected experts, including their background, years of expertise, and main area of work. Specifically, the meeting began by presenting the concept of what an expert opinion workshop is, followed by instructions on how to

assign values. Experts were asked to provide ordinal values in a 0-9 scale, as proposed by Dufour *et al.* (2011) for expert opinion panels. This was done individually without discussion allowed at this stage. Subsequently, answers were compiled and histograms showing the distribution of the values assigned by the members were shown for group discussion. During this discussion, the members had the chance to change their values.

For the input parameters representing proportions (such as the PEDV herd prevalence), a uniform probability distribution was used. This type of distribution is defined with a minimum and a maximum value, and a continuous spectrum of values occurs with the same probability within those values. Pert probability distributions were used for the input parameters representing the importance of biosecurity measures to reduce the probability of virus introduction obtained from the workshop. These distributions are defined by the minimum, the most likely, and the maximum values, which are useful to model expert opinion (OIE, 2004).

The models were run using the mc2d package (Pouillot and Delignette-Muller, 2010), implemented in R (R Development Core and Team, 2008). Monte Carlo simulations (10,000 iterations) were performed and all non-fixed input parameters were included as uncertain parameters. The values for the prevalence of PEDV-infected herds and infected animals within infected herds were obtained from Beam *et al.* (2015), who studied 222 sites in the United States during the 2013 PEDV epidemic.

### **3. Results**

#### **3.1. Official suppliers of high-genetic-value farms**

##### **3.1.1. Response rates and application of different biosecurity measures**

All the genetic suppliers answered the questionnaire. The frequencies of application of the different external and internal biosecurity measures in those farms are shown in the Supplementary Tables S2a and S2b. The question response rate was: 100% for 68/126 questions (54.0%; lower and upper limits of the 95% confidence interval =  $CI_{95\%}$ : 45.7-62.4); between 95% and 99.9% for 31/126 questions (24.6%;  $CI_{95\%}$ : 17.9-32.8); between 90% and 95% for 8/126 questions (6.4%;  $CI_{95\%}$ : 3.3-12.0); and between 80 and 90% for 10/126 questions (7.9%;  $CI_{95\%}$ : 4.4-14.0) of which six were related to the trucks transporting animals from quarantines. Only two questions (1.6%;  $CI_{95\%}$ : 0.4-5.6) had a response rate <80%.

It is worth mentioning that most of the genetic farms introduced gilts from external sources (77/110; CI<sub>95%</sub>: 63.6%; 54.5-72.0) and that nearly half of them (35/77, 45.5%; CI<sub>95%</sub>: 34.8-56.5) introduced them at least four times a year. Several farms introducing external gilts (36/77, 47.0% CI<sub>95%</sub>: 35.4-58.4) transported the animals by using trucks that had been in contact on the same day with other farms or pigs of other origins. In addition to this, most of the farms that reported introducing external gilts (38/77, 49.4%; CI<sub>95%</sub>: 38.5-60.3) did not have quarantine facilities.

With regard to vehicles arriving at the farm, trucks transporting feedstuff, trucks that collected pigs to be sent to the slaughterhouse, and private vehicles were allowed to enter the farm premises in 73/110 (66.4%, CI<sub>95%</sub>: 57.1-74.5), 77/110 (70.0%, CI<sub>95%</sub>: 60.9-77.8), and 39/110 (35.5%; CI<sub>95%</sub>: 27.1-44.7) of the farms, respectively. In addition, 63/77 (81.8%; CI<sub>95%</sub>: 71.8-88.9) farms introducing external gilts lacked specific loading/unloading docks for them.

With respect to visitors, 49/110 (44.6%; CI<sub>95%</sub>: 35.6-53.9) of the farms received more than one visit per week. Also, 33/110 (30.0%; CI<sub>95%</sub>: 22.2-39.1) of the farms had a compulsory shower on entry, 69/110 (62.7%; CI<sub>95%</sub>: 53.4-71.2) required the use of clean clothes exclusively provided by the farm, and only 19/110 (17.3%; CI<sub>95%</sub>: 11.3-24.4) had a written biosecurity protocol for visitors.

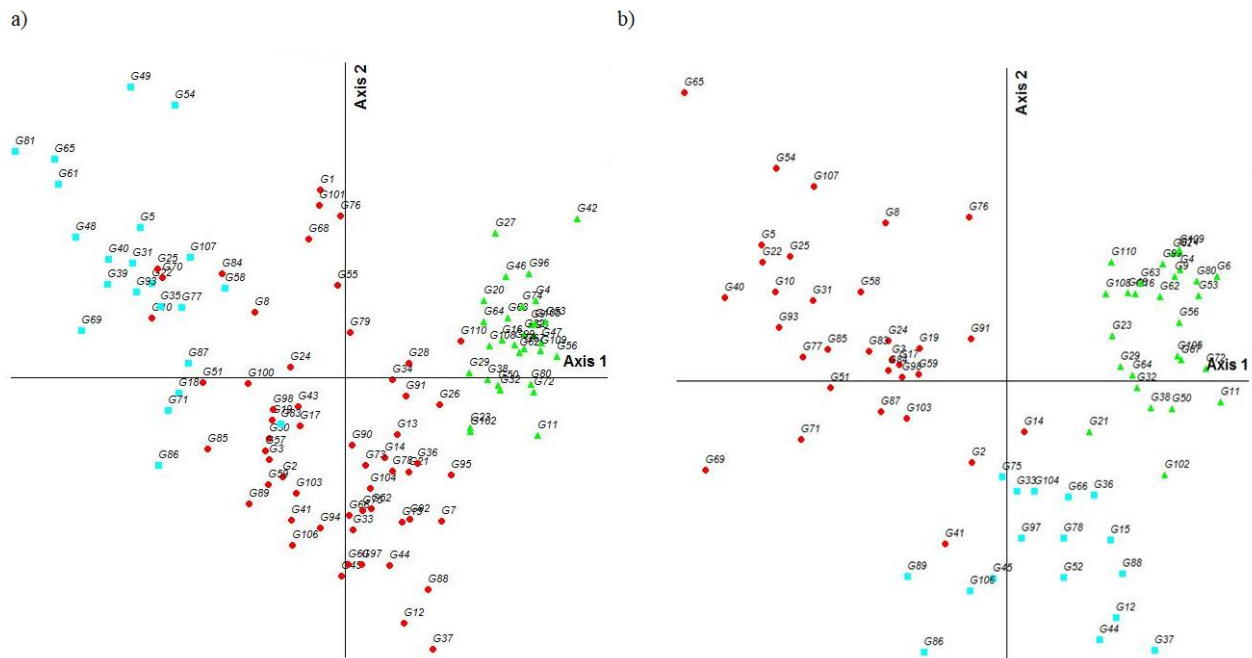
Regarding internal biosecurity, between one third and one half of the farms did not apply basic internal biosecurity measures, such as an 'all-in/all-out' policy (namely the moving of entire batches of animals in or out of the facilities to avoid mixing).

### **3.1.2. Correspondence and cluster analysis**

In the correspondence analysis done with the 110 genetic farms (Figures 1a and 1b), axes 1 and 2 explained 17.9% and 6.9% of the variance, respectively. When the analysis was performed with the farms that only used external sources of gilts (n=77), axes 1 and 2 explained 19.4% and 7.7% of the variance, respectively. The hierarchical cluster analysis resulted in the identification of three significant groups (MRPP,  $p < 0.0001$ ) when considering all 110 farms and equally when analysing the farms that only purchased external replacements (Figure 1).



**Figure 1:** Results of the cluster analysis for farms producing gilts of high genetic value.



**References:** a) all farms disregarding variables related to replacement animals, and b) farms with external replacements and all variables. a) : number of farms= 31, distance= 0.3, average of sows in production= 1275, ● : number of farms= 52, distance= 0.57, average of sows in production= 171, ▲ : number of farms= 27, distance= 0.62, average of sows in production= 56). b) : number of farms= 27, distance= 0.34, average of sows in production= 1226, ● : number of farms= 19, distance= 0.54, average of sows in production= 215, ▲ : number of farms= 31, distance= 0.59, average of sows in production= 45.

The indicator values are calculated to measure the strength of association of each variable with the different farm groups. For predictive purposes, the list of variables strongly associated to the farm groups has a great interest as diagnostic variables. The observed Indicator Value (OIV) associated with each cluster within the commercial and genetic farms are shown in Tables 1 and 2. Cluster 1 was associated with 26 external and 20 internal biosecurity measures. With respect to external biosecurity, the measures related to the entry of personnel on the farm were important; for example: a compulsory shower (OIV: 86.4%), a compulsory hand wash (OIV: 83.5%), and compulsory use of clean boots and clothes (OIV: 56.4%), followed by measures related to the entry of animals such as the use of a loading dock with clean and dirty areas (OIV: 43.1%) and the restriction of entry for trucks into the farm perimeter (OIV: 30.5%). The other clusters were associated only with two or three measures with lower OIV (25-40%).

**Table 1:** Indicator Variables (% of perfect indication) for each biosecurity cluster not related to the replacement of animals in genetic and commercial farms.

Biosecurity Measures	Genetic Farms			Commercial farms		
	ID cluster	OIV (%)	<i>p</i> (value)*	ID cluster	OIV (%)	<i>p</i> (value)*
Semen produced in the farm	3	35.1	0.0326			
Presence of sanitary ford	1	46.7	0.0002	1	37.9	0.0002
Presence of disinfection arch	1	43.2	0.0002	1	17.5	0.0002
Presence of loading dock for each production phase	1	28.8	0.0234			
<b>Truck for market animals:</b>						
It belongs to the farm/company	3	33.7	0.0228	1	20.2	0.0076
It does not go to other farms on the same day				1	45.4	0.0002
It does not arrive with animals				1	40.3	0.0002
It is disinfected between every loading/unloading of animals	1	38.5	0.0034	1	46.2	0.0002
It is disinfected after taking the animals to the slaughterhouse				1	42.4	0.0002
It does not enter the perimeter of the farm	1	36.9	0.0006	1	32.6	0.0002
The dock has an enclosed clean / dirty area	1	45.3	0.0002	1	44.0	0.0002
Restrictions to the truck driver regarding the access to the farm	1	46.0	0.0002			
Treatment of carcasses by well	3	39.5	0.0020			
Treatment of carcasses by incineration	2	25.6	0.0206	3	17.2	0.0074
Treatment of carcasses by composting	1	18.2	0.0348			
Number of visitors (less than 1 per week)				1	34.5	0.0008
There is a policy restricting entry of persons	1	54.5	0.0002	1	43.4	0.0002
There is a record of visits	1	54.7	0.0002	1	46.2	0.0002
There is an-office	1	52.5	0.0002	1	36.4	0.0006
There is a sign with instructions at the entry	1	36.7	0.0002			
Visitors must use boots provided by the farm (required)	1	53.8	0.0002	1	42.3	0.0002
Visitors must use clothes provided by the farm (required)	1	67.4	0.0002	1	44.0	0.0002
There is a dressing room	1	70.3	0.0002	1	48.3	0.0002
Showers are present	1	79.4	0.0002	1	48.0	0.0002
Visitors should take a shower upon arrival at the farm	1	86.4	0.0002	1	52.6	0.0002
The dressing room have dirty and clean areas are separate	1	89.6	0.0002	1	64.0	0.0002
Visitors must wash their hands before entering	1	83.5	0.0002	1	51.2	0.0002

The material used belongs to the farm	1	36.0	0.0226			
It is verified that the tools have been disinfected and not used on another farm	1	48.5	0.0002	1	41.8	0.0002
Tools and supplies of off-farm workers are washed and disinfected before being introduced in the farm	1	40.4	0.0006	1	53.9	0.0002
Farm workers must take a shower on entering the farm	1	88.0	0.0002	1	46.4	0.0002
Farm workers must change their clothes and boots upon arrival at the farm	1	56.6	0.0002	1	40.3	0.0002
Farm workers must wash their hands before moving between stages of production	1	54.8	0.0002	1	58.4	0.0002
The farm workers must change their boots in and out of each stage of production	1	54.6	0.0002	1	46.1	0.0002
There is a routine in the internal circulation of the farm workers	1	45.5	0.0002	1	41.5	0.0002
There is a perimeter fence	1	46.5	0.0002	1	34.0	0.0120
A systematic rodent control program is implemented	1	37.3	0.0034	1	35.1	0.0370
There are nets or meshes in the windows to prevent the entry of birds	1	65.3	0.0002	1	30.4	0.0258
A systematic disinfestation program is followed	1	39.2	0.0006	1	33.4	0.0022
The farm operates organized into groups to inseminate sows	1	53.8	0.0002			
There is a policy of adoption or movement of piglets	1	53.9	0.0002	2	36.3	0.0072
All in-All out in maternity	1	56.5	0.0002	2	38.2	0.0004
Animals from different weaning batches are not mixed	1	36.6	0.0060	3	31.3	0.0002
Animals from different weaning batches of weaning are mixed				2	37.2	0.0008
All in-All out in weaning	1	47.8	0.0002	2	35.5	0.0098
Uses Circovirus vaccine	1	40.9	0.0004	2	36.2	0.0040
Uses Mycoplasma vaccine	2	34.8	0.0486			
Animals from different fattening batches are not mixed	1	36.6	0.0022			
Animals from different fattening batches are mixed				2	31.2	0.0120
All in-All out in fattening units	1	39.1	0.0006			
The farm treat effluents	1	51.8	0.0002			
The effluent tank is located outside the perimeter of the farm	1	46.5	0.0002			
Drinking water for animals is potabilized	1	36.1	0,0016			
The farm uses hot pressurized water for cleaning	1	12.9	0.0084	1	9.8	0.0080
The farm uses cold pressurized water for cleaning	1	41.3	0.0002			
Brushed for cleaning	1	25.4	0,0314	1	22.8	0.0002
Allow to dry before disinfecting	1	39.5	0,0018			

**References:** ID Cluster= identification of the group to which each biosecurity measure constitutes an indicator value; OIV (%) = observed indicator values for each biosecurity measure;  $p$  (value)\*= Monte Carlo test of significance of the observed maximum indicator value based on 1,000 randomizations for the hypothesis of no differences between groups.

**Table 2:** Indicator Variables (% of perfect indication) for each biosecurity clusters related to the replacement of animals, in both genetic and commercial farms.

Biosecurity measures	Indicator Values (%) Genetic Farms with external replacement - 2015		
	ID Cluster	OIV (%)	<i>p</i> (value)*
Location of replacement animals (Outside. > 1000 meters)	1	17.2	0.0354
Duration of the quarantine period (> 6 weeks)	1	24.3	0.0034
Replacement animals are analysed	1	25.8	0.0022
The truck transporting replacement animals does not enter the perimeter of the farm	1	30.5	0.015
The loading dock has clearly indicated clean/dirty areas	1	43.1	0.0002
Restrictions to the truck driver regarding the access to the farm	1	49	0.0002
Frequency of introduction of genetic animals ( $\geq 13$ weeks)	3	39.9	0.001
The truck for transport of animals from official suppliers of high-genetic value belongs to the farm or company	3	54.4	0.0002
The truck transporting replacement animals does not go to other farms on the same day	3	48	0.0006
The truck transporting replacement animals does not arrive with animals	3	33.4	0.0448
Biosecurity measures	Indicator Values (%) Commercial farms with external replacement -2016		
	ID Cluster	OIV (%)	<i>p</i> (value)*
Duration of the quarantine period (> 6 weeks)	1	30.6	0.005
The truck transporting replacement animals is disinfected after each loading / unloading of animals	1	28.3	0.016

**Reference:** ID Cluster= identification of the group to which each biosecurity measure constitutes an indicator value; OIV (%) = observed indicator values for each biosecurity measure; *p* (value)\*= Monte Carlo test of significance of the observed maximum indicator value based on 1,000 randomizations for the hypothesis of no differences between groups.



## **3.2. Commercial farms**

### **3.2.1. Response rates and application of different biosecurity measures**

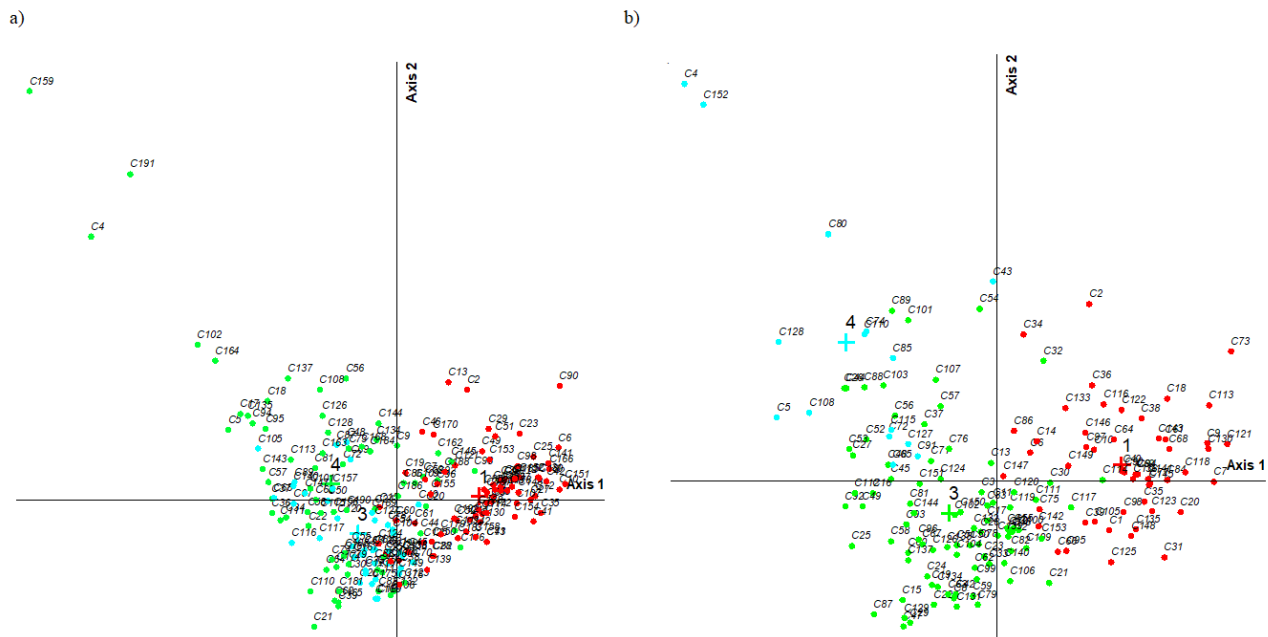
In the case of the commercial farms, the response rate was 55.8% (198/355; CI<sub>95%</sub>: 50.6-60.9). In the subsequent analysis, six questionnaires were discarded due to a low response rate of the questions, and thus only 192 farms were analysed. Of these, 185/198 were farms with 100 to 500 sows and 13/198 with >500 sows. By provinces, 90/198 (45.5%; CI<sub>95%</sub>: 38.7-52.4) farms were from Buenos Aires, 52/198 (26.3%; CI<sub>95%</sub>: 20.6-32.8) from Santa Fe, 34/198 (17.2%; CI<sub>95%</sub>: 12.6-23.0) from Córdoba, and 22/198 (11.1%; CI<sub>95%</sub>: 7.5-16.3) from Entre Ríos, thus resulting in a representative sample of the country.

The frequencies of application of different external and internal biosecurity measures in these farms are shown in the Supplementary Tables S2a and S2b. As can be observed, 156/192 (81.3%; CI<sub>95%</sub>: 75.1- 86.1) of the farms in this group purchased replacement gilts from external facilities and 49/156 (31.4%; CI<sub>95%</sub>: 24.7-39.1) of these used two or more sources. In 79/156 (50.6%; CI<sub>95%</sub>: 42.9-58.4) of the farms that purchased external gilts, replacement animals were transported in vehicles that could have visited other farms on the same day, whereas in 49/156 (31.4%; CI<sub>95%</sub>: 24.7-39.1) of the cases, gilts from different origins could have been transported on the same truck. In 93/156 (59.6%; CI<sub>95%</sub>: 51.8-67.0) of these farms, gilts arrived at the farm every 90 days or less. Only one farm had the quarantine unit outside the premises, at more than 1,000 meters distance.

In 141/192 commercial farms analysed (73.4%; CI<sub>95%</sub>: 66.8-79.2), trucks that transported animals to the slaughterhouse belonged to external companies, and in 42/192 (21.9%; CI<sub>95%</sub>: 16.6-28.3) they could have loaded or unloaded pigs in other farms on the same day. In addition, 111/192 (57.8%; CI<sub>95%</sub>: 50.7-64.6) of the farms did not have loading docks with delimited clean and dirty areas.

Concerning visitors, 82/192 (42.7%; CI<sub>95%</sub>: 35.9-49.8) of the farms had less than one visitor per week and 64/192 (33.3%; CI<sub>95%</sub>: 27.1-40.3) had a policy to restrict visitors. Clothes and boots were provided to visitors in 116/192 (60.4%; CI<sub>95%</sub>: 53.4-67.1) and 143/192 (74.5%; CI<sub>95%</sub>: 67.9-80.1) of the farms, respectively. Internal biosecurity measures within this group of farms (Figure 2a and 2b) were also rarely applied and, in fact, no cleaning or disinfection procedures were carried out between different animal batches in 51/192 (26.6%; CI<sub>95%</sub>: 20.8-33.2) of the farrowing rooms, in 41/192 (21.4%; CI<sub>95%</sub>: 16.2-27.7) of the nursery units, and in 77/192 (40.1%; CI<sub>95%</sub>: 33.3-47.2) of the fattening facilities.

**Figure 2:** Results of the cluster analysis for commercial farms: a) all farms disregarding variables related to replacement animals, and b) farms with external replacements and all variables.



**References:** a) ●: number of farms= 44, distance= 0.35, average of sows in production= 329, ●: number of farms= 72, distance= 0.46, average of sows in production= 214, ●: number of farms= 78, distance= 0.6, average of sows in production= 151. b) ●: number of farms= 51, distance= 0.43, average of sows in production= 303, ●: number of farms= 87, distance= 0.54, average of sows in production=178, ●: number of farms= 15, distance= 0.94, average of sows in production= 158.

### 3.2.2. Correspondence and cluster analysis

In the correspondence analysis in relation to the whole population of commercial farms analysed (n=192), axes 1 and 2 explained 13.5% and 6.32% of the variance. In the analysis of the farms using external sources of gilts (n=153), axes 1 and 2 explained 11.3% and 5.9% of the variance. The hierarchical cluster analysis for the whole population and equally that for farms with external gilts showed three significant groups (MRPP,  $p < 0.0001$ ) (Figure 2). The indicator values that distinguished to a greater degree between groups of farms are shown in Tables 1 and 2. As shown in Table 1, clustering was defined by 41 variables, 38 of which were strongly associated with cluster 1. Furthermore, the dressing room with separate dirty and clean areas, the compulsory shower for visits, and the compulsory hand wash between stages of production were highly associated with that cluster (percentage of perfect indication= 64%, 52.6%, and 58.4%, respectively). Clusters 2 and 3 were characterized by three and five variables, respectively.

### 3.3. Risk scoring: evaluation of the external biosecurity

#### 3.3.1. Expert panel meeting

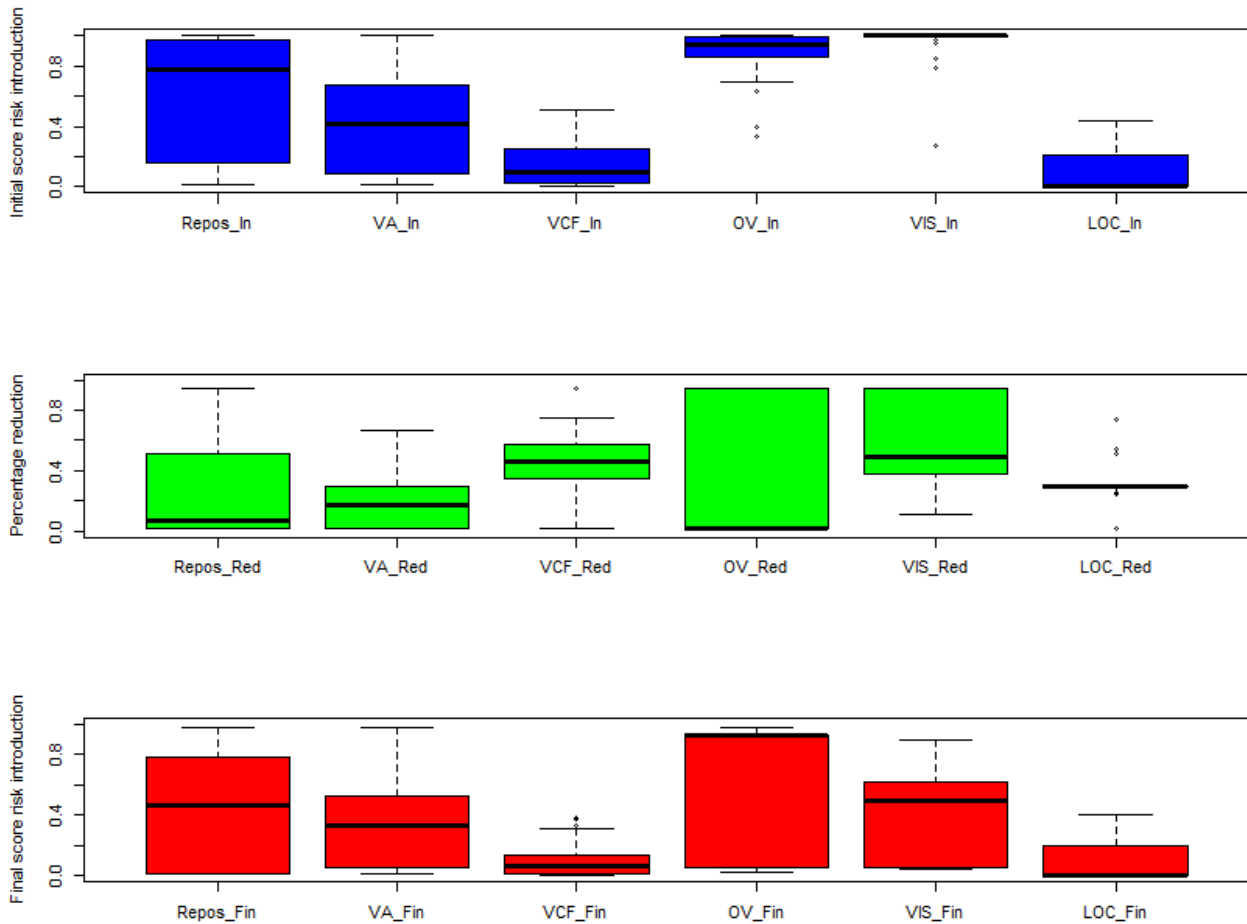
The Supplementary Table S5 shows the scores provided by the experts for the different parameters. All members agreed on the importance that vehicles intended to transport animals to the slaughterhouse must not arrive loaded with animals from other farms (scores 8 to 9 on the 0 to 9 scale). However, with respect to the importance of disinfection of the truck after visiting the slaughterhouse, disagreement was higher (range of 0 to 9). There was also a high variability in the perception between experts about: the importance of measures related to quarantine (such as the location of quarantine facilities, use of exclusive personnel, or the importance of examining incoming gilts); the importance of barrier measures (such as sanitary fords or loading docks); the importance of workers not having contact with other pigs; and the measures related to visitors (e.g., the requirement of using boots and clothes provided by the farm).

### **3.3.2. Risk assessment**

Figures 3 and 4 show the mean values of the initial score for the probability of introduction, the risk mitigation, and the final score for the probability of PEDV introduction by each route for both the genetic and commercial farms. The results for both groups of farms were quite similar, showing that the routes with higher initial and final scores were: i) the introduction of replacement animals, ii) the vehicles transporting feedstuff, iii) the vehicles transporting animals, and iv) the visitors. The results also revealed that the application of biosecurity measures was quite variable in both groups. The risk mitigation for the different routes ranged from 0 to 0.95, indicating that some farms did not implement any measures while others had a high level of biosecurity. In addition, the median for the proportion of risk reduction was below 40% in all routes from both groups.

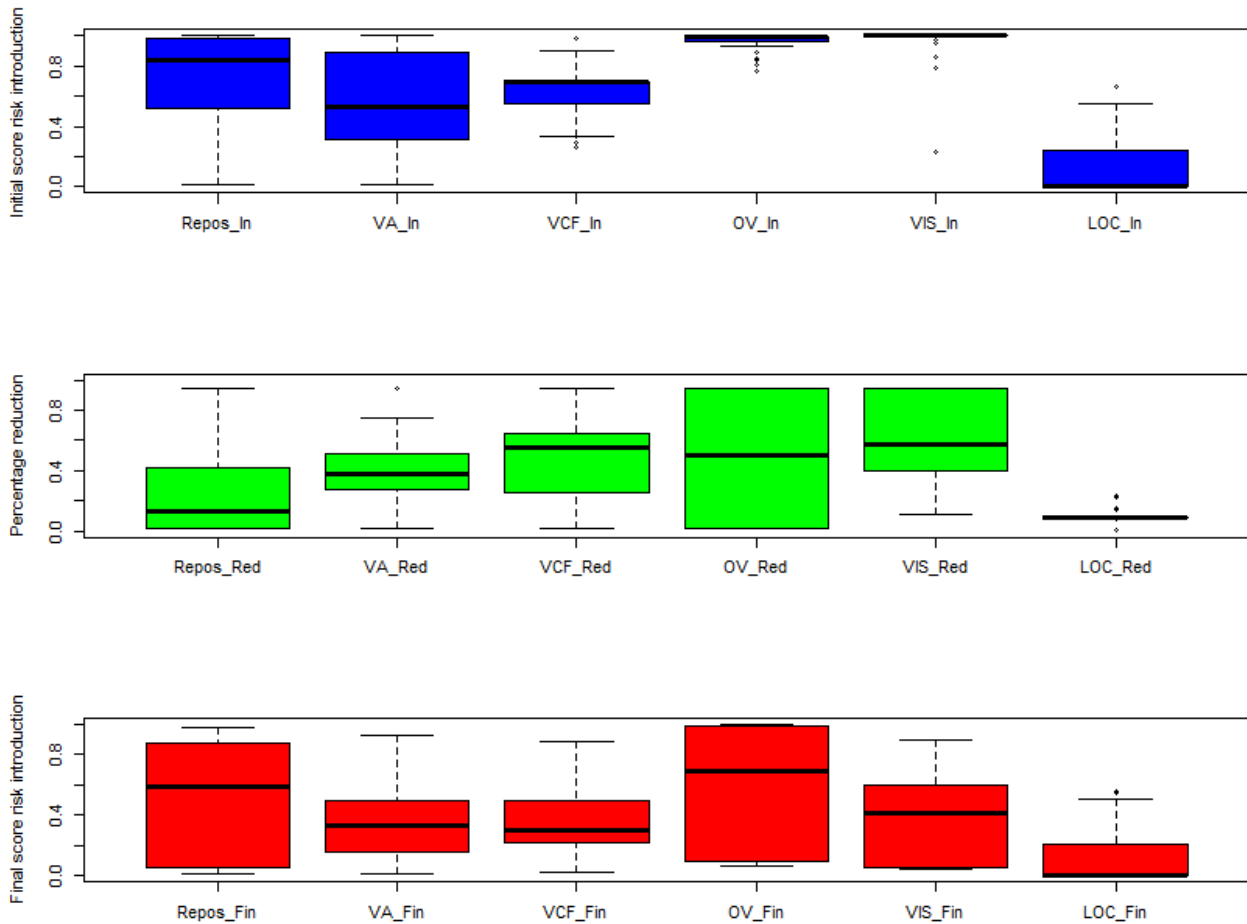


**Figure 3:** The boxplots show the mean values for the initial risk of introduction, the percentage of reduction (i.e. risk mitigation) and the final score for the risk of PEDV introduction, for the 110 genetic farms assessed considering the different routes (Repos= replacement animals; VA = vehicles transporting replacement animals; VCF = vehicles transporting animals to the slaughterhouse; OV = vehicles transporting feed; VIS = visits, including farm workers; LOC = geographic risk).



The introduction of replacement animals was one of the routes with the lowest application of biosecurity measures. The median for the proportion of risk reduction for this route was 7.3% in the genetic farms and 12.8% in the commercial farms and for about 50% of the farms biosecurity measures to block this route were extremely low. On the other hand, the geographic risk had a low initial and final score for the probability of disease introduction, which correlates to the low pig density in the country.

**Figure 4:** The boxplots show the mean values for the initial risk of introduction, the percentage of reduction (i.e. risk mitigation), and the final score for the risk of PEDV introduction for the 192 commercial farms examined considering the different routes. (Repos = replacement animals; VA = replacement animals transport vehicles; VCF = slaughterhouse transport vehicle; OV = feed transport vehicle; VIS = visits, including farm workers; LOC = geographic risk).



#### 4. Discussion

The present study intended to assess the biosecurity of pig farms of Argentina, a country experiencing a very rapid growth in the pig population. The study focused firstly on farms producing replacement animals of high genetic value. Those farms are essential to sustain the continuous increase in pig production but the introduction of a major pathogen in one of them could have a catastrophic national impact.

The survey of genetic suppliers was exhaustive because it was compulsory as a part of the national pig health program. Since this was the first time that this type of survey was conducted in Argentina,

the data was additionally verified by means of a telephonic interview with the veterinarians in charge of the farm or directly by visit. This additional verification of the data assured a very accurate picture of this type of farm, reducing potential measurement biases. This verification was not performed in the group of commercial farms. For this second group, some measurement bias might exist as some farmers might have not answered what they really do on their farm. On the other hand, for some questions (mostly those related to quarantines) the response rate was low. In our opinion, the lack of an answer was related to the fact that some farms actually lacked quarantine facilities and also to the lack of knowledge of the importance of some biosecurity measures. These could have introduced some classification bias in the analysis. It would be desirable to do a future follow-up in order to update results, as the implementation of measures might change over time. For commercial farms the enrolment was voluntary, which resulted in a lower participation rate of about half of the farms within the categories examined. This voluntary participation could have introduced some selection bias.

Hierarchical cluster analysis revealed three types of farms in terms of the biosecurity practices, across both providers of genetic and commercial farms. These three clusters were also significant within all farms and only those purchasing external gilts. This reinforces the notion that the clusters found truly represented the types of farms present in Argentina.

For both types of farms, the first cluster had in common several measures such as the existence of strict barriers preventing the entry of people, trucks and other vehicles to the farm, with clear indication of clean and dirty areas, representing in all likelihood high biosecurity operations. Most of the farms in this group were new or belonged to large companies. The second and third clusters represented farms with an intermediate and a low level of biosecurity, respectively. These results agree with those found by Bottoms *et al.* (2013) and Laanen *et al.* (2013), who observed that the larger and more modern farms implement more biosecurity measures. In our case, most of the larger farms are new and belong to large companies with a high technical standard.

Although three types of farms were identified, the percentage of variance explained by the analysis was relatively low (25-27% in breeders and 17-20% in commercial farms). This suggests that the combination of biosecurity measures adopted by a given farm has a certain degree of randomness and, consequently, the clusters contain some internal heterogeneity. In our opinion, this is an indication of the complexity surrounding decision making and the implementation of biosecurity measures. Beyond the technical level or the size of the farm, the diversity probably arises from the diverse level of expertise and experience of veterinarians and producers, their personalities, and their connection with sources of technical information (Racicot *et al.*, 2011, Alarcon *et al.*, 2013, Simón-

Grifé *et al.*, 2013 and Nantima *et al.*, 2016). Besides this, the fact that Argentina is free of most of the main pig diseases may also influence the perception of any need to implement biosecurity programs. Indeed, previous research noticed an increase in the biosecurity standards after the introduction of a new disease in neighbouring countries such as Uruguay and Chile (Nöremark *et al.*, 2009).

In the present study, the evaluation of external biosecurity with regard to the introduction of PEDV showed that most Argentinian farms are not prepared for such eventuality. PEDV is an extremely transmissible agent with a very low minimum infective dose (Thomas JT *et al.*, 2015). If introduced in Argentina it would be very difficult to prevent its entry in the farms as has happened recently in different countries of America.

There are some tools that may be used to compare the biosecurity status between pig farms or for farm-specific counseling (Pinto and Urcelay, 2003; Laanen *et al.*, 2013; Postma *et al.*, 2016, Holtkamp *et al.*, 2013b). All these tools are based on values obtained through expert opinion panels. In the present study, we used a methodology based on the risk assessment tool recently developed by our group (Allepuz *et al.*, 2018), also using expert opinion panels. Since the opinion of experts may vary depending on the features of a given disease, the epidemiological circumstances of a country, or the prevailing ideas at a given moment, scoring systems based on perceptions must be adapted to each situation. Here, we conducted an expert opinion workshop with Argentinian veterinarians to adapt the values to the context and situation of the country. The 18-person panel was composed of veterinarians working in the pig sector whose expertise included the most common profiles (health, husbandry, etc.). Because of this diversity, some persons could be more sensitive to risks than others.

In our analysis, the routes identified with the greatest risk for the entry of PEDV into farms were the transport vehicles of replacement animals and feed, the visitors, and the replacement of animals. Our results are consistent with those of other studies where the vehicles and their drivers, the clothing and boots, the workers and materials for the farm were identified as ways of transmitting PEDV (Kim *et al.* 2017, Lowe *et al.* 2014, Dee *et al.*, 2015, Scott *et al.* 2015). It is worth mentioning that Argentina is a very large country and movements of animals between farms or slaughterhouses can involve distances of up to one thousand kilometres. For this reason, the costs of transportation are high and the distribution of young sows to medium and small farms or the transportation of animals to the slaughterhouse is usually carried out by a truck serves several farms on the same day, with the consequent risks.

The lack of significant differences in the external biosecurity scores when comparing farms that sell high-genetic-value animals and commercial farms is in some way surprising. However, this could be due to the heterogeneous composition of the group of genetic farms. In Argentina, high genetic value are sold by large modern farms with high biosecurity standards, but also by some small farms (on average about 50 sows) with a low level of compliance with biosecurity measures. Two facts stand out in relation to the application of biosecurity measures: the diversity of measures applied and the lack of basic measures, such as an isolated quarantine in many of them. The first fact suggests a lack of consensus on the minimum biosecurity standard of this type of Argentinian farm. We believe that this consensus is necessary to establish appropriate biosafety guidelines. In this regard, international actions leading to the development of such consensus guidelines would be of great help for the pig industry in Argentina and elsewhere. The second fact, or the lack of some basic measures, is more local and implies a serious risk because of the central role of genetic farms as providers of replacement animals and therefore a potential disseminator of diseases in this country.

In summary, the present study shows a nationwide application of a biosecurity assessment methodology that allowed the characterization of pig farms and their typological classification. This methodology allowed detecting biosecurity gaps and identifying farms with poor biosecurity that could be critical to the whole pig production system. The results of the present study may help veterinarians, producers, and health authorities to establish plans to improve biosecurity against enteric pathogens such as PEDV. The results may also be useful for the design of education programs on biosecurity. The combination of this methodology with others, such as the analysis of movement networks, can greatly improve the biosecurity of pig farms at a regional scale. In the present case, the introduction of PEDV was used as a scenario, but the results could be easily extrapolated to other pathogens and countries.

## **Conclusion**

The application of biosecurity measures in Argentinian pig farms was diverse and some of the biosecurity gaps identified in this study represent a high risk for the pig sector. Special efforts to improve should be made by the suppliers of breeder animals with poor biosecurity standards, since they are at the top of the production chain. Based on this study and the identification of the routes with higher risk of introduction of enteric pathogens such as PEDV to Argentinian farms, veterinarians and farmers should pay special attention to the biosecurity measures related to the movement of replacement animals, the transport of feedstuff, and visits. The results of this study

could be useful to improve the application of biosecurity measures, and thus reduce the risk of disease dissemination. Moreover, it provides information on the points that should be addressed in the training of professionals and farmers in the country.

### **Acknowledgements**

We would like to thank the Argentinian National Service for Health and AgriFood Quality (SENASA) for their support and the veterinarians that participated in the study.

### **References:**

1. Alarcon P., Wieland B., Mateus A.L.P., Dewberry C. 2013. Pig farmers' perceptions, attitudes, influences and management of information in the decision-making process for disease control. *Prev. Vet. Med.* 116, 223-242.
2. Allepuz, A., Martín-Valls, G.E., Casal, J., Mateu, E., 2018. Development of a risk assessment tool for improving biosecurity on pig farms. *Prev. Vet. Med.* 153, 56-63.
3. Amass S., Mason P., Pacheco J., Miller C., Ramirez A., Clark L., Ragland D., Schneider J., Kenyon S. 2004. Procedures for preventing transmission of foot-and-mouth disease virus (O/TAW/97) by people. *Veterinary Microbiology* 103: 143-149.
4. Beam A., Goede D., Fox A., Mccool M.J., Wall G., Haley C., Morrison R., 2015. A Porcine Epidemic Diarrhea Virus Outbreak in one Geographic Region of the United States: Descriptive Epidemiology and investigation of the possibility of Airborne Virus Spread. *Plos One.* 10(12): e0144818.doi:10.1371/journal.pone.0144818.
5. Bottoms K., Poljak Z., Friendship R., Deardon R., Alsop J., Dewey C. 2013a. An assessment of external biosecurity on southern Ontario swine farms and its application to surveillance on a geographic level. *The Canadian Journal of Veterinary Research.* 77: 241-253.
6. Caceres M. and Legendre P. 2009. Associations between species and groups of site: indices and statistical inference. *Ecology*, 90: 3566-3574.
7. Carpinetti B., Castresana G., Rojas P., Grant J., Marcos A., Monterubbianesi M., Sanguinetti HR, Serena M.S., Echeverría M.G., Garcarena M., Aleksa A. 2017. Determinación de anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos seleccionados en la población de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Argentina. *Analecta Vet* 37: 21 – 27.
8. Davies PR, Scott Hurd H, Funk JA, Fedorka-Cray PJ, Jones FT. 2004. The role of contaminated feed in the epidemiology and control of *Salmonella enterica* in pork production. *Foodborne Pathog Dis*, 1:202-215.
9. Dean A.G., Arner T.G., Sunki G.G., Friedman R., Lantinga M., Sangam S., Zubieta J.C., Sullivan K.M., Brendel K.A., Gao Z., Fontaine N., Shu M., Fuller G., Smith D.C., Nitschke D.A., and Fagan R.F., 2011. Epi Info™, a database and statistics program for public health professionals. CDC, Atlanta, GA, USA.
10. Dee S, Neill C, Clement T, Singrey A, Christopher-Hennings J, Nelson E. 2015. An evaluation of porcine epidemic diarrhea virus survival in individual feed ingredients in the presence or absence of a liquid antimicrobial. *Porcine Health Manag* 9,1:9.
11. Dekker A. 2014. Biosecurity and FMD transmission. *Veterinary Record* 126-127.
12. Dufrene M. and Legendre P., 1997. Species assemblages and indicator species: the need for a flexible asymmetrical approach. *Ecological Monographs.* 67, 345-366.

13. Dufour, B., Plée, L., Moutou, F., Boisseleau, D., Chartier, C., Durand, B., Ganière, J.P., Guillotin, J., Lancelot, R., Saegerman, C., Thébault, A., Hattenberger, A.M., Toma, B., 2011. A qualitative risk assessment methodology for scientific expert panels. *Rev. Sci. Tech.* 30, 673-681.
14. Ellis-Iversen J., Smith R., Gibbens J., Sharpe C., Dominguez M., And Cook A. 2011. Risk factors for transmission of foot and mouth disease during an outbreak in southern England in 2007. *Veterinary Record* doi: 10.1136/vr.c6364.
15. Elbers A., Sregeman J., Jong M., 2001. Factors associated with the introduction of classical swine fever virus into pig herds in the central area of the 1997/1998 epidemic in The Netherlands. *Veterinary Record* 149: 377-382.
16. Food and Agriculture Organization of United States, 2008. Biosecurity for highly pathogenic avian influenza. Issues and options. Rome. 73 pp
17. Food and Agriculture Organization of United States. Good Practices for biosecurity in the pig sector, the food and agriculture organization of the United Nations the World organization for animal health the world bank. Rome, 2010-2012.
18. Holtkamp D., Lin H., Wang C., Polson D., 2013b. Development and Validation of an Objective Risk Scoring System for Assessing the likelihood of Virus Introduction in Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Virus-Free Sow Farms in the US. *Open Journal of Veterinary Medicine.* 3, 168-175.
19. Kim Y., Yang M., Goyal S.M., Cheeran M C-J., Torremorell M. 2017. Evaluation of biosecurity measures to prevent indirect transmission of porcine epidemic diarrhea virus. *BMC Veterinary Research* 13: 89.
20. Laanen M., Persoons D., Ribbens S., De Jong E., Callens B., Strubbe M., Maes D., Dewulf J., 2013. Relationship between biosecurity and production/antimicrobial treatment in pig herds. *Vet J.* 198, 508-512.
21. Lowe J., Gauger P., Harmon K., Zhang J., Connor J., Yeske P., Loula T., Levis I., Dufresne L., Main R. 2014. Role of transportation in spread of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infection, United States. *Emerging Infectious Diseases* Vol 20, No 5.
22. McCune, B. and M. J. Mefford. 2011. PC-ORD. Multivariate Analysis of Ecological Data. Version 6. MjM Software, Gleneden Beach, Oregon, U.S.A
23. Monterubbianesi M., Vidal M., Debenedetti R., Suárez M., Barral L., Duffy, S. 2016. Serological Surveillance of the Porcine Reproductive Respiratory Syndrome in the Argentine (2010-2015). XIII Congreso Nacional de Producción Porcina. Memorias XIX Jornadas de Actualización Porcina. VIII Congreso de Producción Porcina del Mercosur. Page 149.
24. Nantima N., Davies J., Dione M., Ocaido M., Okoth E., Mugisha A., Bishop R. 2016. Enhancing knowledge and awareness of biosecurity practices for control of African swine fever among smallholder pig farmers in four districts along the Kenya-Uganda border. *Trop Anim Health Prod.* 48, 727-734. RESEA
25. Newcombe Robert G. 1998. Two-sides confidence intervals for the single proportion: comparison of seven methods. *Statistic in Medicine.* Statist. Med. 17, 857-872.
26. Nöremark M., Lindberg A., Vagsholm I., Sternberg Lewerin S. 2009. Disease awareness, information retrieval and change in biosecurity routines among pig farmers in association with the first PRRS outbreak in Sweden. *Prev. Vet. Med.* 90, 1-9.
27. Racicot M., Venne D., Durivage A., Vaillancourt J.P. 2012. Evaluation of the relationship between personality traits, experience, education and biosecurity compliance on poultry farms in Québec, Canada. *Prev. Vet. Med.* 103, 201-207.

28. Simon-Grifé M., Martín-Valls G.E., Vilar-Ares M.J., Garcia-Bocanegra I., Martín M., Mateu E. Casal J. 2013. Biosecurity practices in Spanish pig herds: Perceptions of farmers and veterinarians of the most important biosecurity measures. *Prev. Vet. Med.* 110, 223-231.
29. Straw B., Zimmerman J., D'Allaire S., Taylor D. 2006. *Diseases of Swine*, 9<sup>th</sup> edition, Ames, Iowa, U.S.A.
30. World Organization for Animal Health, 2004. *Handbook on import Risk Analysis for Animals and Animal Products*, Quantitative risk assessment, volume 2, page 74.
31. Olugasa B. and Ijagbone I., 2007. Pattern of spread of African swine fever in south-western Nigeria, 1997-2005. *Vet Ital.* 43:621-8.
32. Pinto, C. J., Urcelay S., 2003. Biosecurity practices on intensive pig production systems in Chile. *Prev. Vet. Med.* 59, 139-145.
33. Postma M., Backhans A., Collineau L., Loesken S., Sjölund M., Belloc C., Emanuelson U., Grosse Beilage E., Stärk K.D., Dewulf J., 2016. The biosecurity status and its associations with production and management characteristics in farrow-to-finish pig herds. *Animal.* 10, 478-489.
34. Pouillot, R., Delignette-Muller, M.L., 2010. Evaluating variability and uncertainty in microbial quantitative risk assessment using two R packages. *Int. J. FoodMicrobiol.* 142, 330–340.
35. Scott A, McCluskey B, Brown-Reid M, Grear D, Pitcher P, Ramos G, Spencer D, Singrey A. 2016. Porcine epidemic diarrhea virus introduction into the United States: Root cause investigation. *Prev. Vet. Med.* 123:192-201.
36. Thomas J.T., Chen Q., Gauger P.C., Giménez-Lirola L.G., Sinha A., Harmon K.M., Madson D.M., Burrough E.R., Magstadt D.R., Salzbrenner H.M., Welch M.W., Yoon K.J., Zimmerman J.J., Zhang J., 2015. Effect of Porcine Epidemic Diarrhea Virus Infectious Doses on Infection Outcomes in Naïve Conventional Neonatal and Weaned Pigs. *PLoS One.* 10: e0139266.

### **Web References**

1. Food and Agriculture Organization of United States, 2014:  
<http://www.fao.org/ag/AGInfo/themes/es/pigs/production.html>.
2. National Service for Health and AgriFood Quality, 2016. Statistics Report: <http://www.senasa.gob.ar/cadena-animal/porcinos/informacion/informesyestadisticas>.
3. World Organization for Animal Health, 2018:  
[http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation)





## **4. ESTUDIO II**



## **Network analysis of pig movements in Argentina: Identification of key farms in the spread of infectious diseases and their biosecurity levels**

### **(En revision) Transboundary and Emerging Diseases**

#### **Summary**

This study uses network analysis to evaluate how swine movements in Argentina could contribute to disease spread. Movement data for the 2014-2017 period were obtained from Argentina's online livestock traceability registry and categorized as follows: animals of high genetic value sent from registered breeder suppliers to other farms, animals to or from markets, animals sent to finisher operations and animals sent to slaughterhouses. A network analysis was carried out considering the first three movement types, since the latter is expected to have little bearing on disease spread. First, descriptive, centrality and cohesion measures were calculated for each movement type and year. Next, to determine if networks had a small-world topology, these were compared with the results from random Erdős–Rényi network simulations. Then, the basic reproductive number ( $R_0$ ) of the genetic network was calculated to identify farms acting as super-spreaders. Finally, their external biosecurity scores were evaluated. Throughout the study, 31 farms were identified as super-spreaders for all years, while other 55 were super-spreaders at least once, from an average of 1613 farms per year. Interestingly, removal of less than 5% of higher degree and betweenness farms resulted in a >90% reduction of  $R_0$  indicating that few farms have a key role in disease spread. When biosecurity scores of the most relevant super-spreaders were examined, it was evident that many were at risk of introducing and disseminating new pathogens across the whole of Argentina's pig production network. Furthermore, swine movement networks in Argentina present a scale-free and small world topology. Thus, we estimate that disease spread would be fast, preferably to highly connected nodes and with little chances of being contained. These results highlight the usefulness of establishing targeted surveillance and intervention programs, emphasizing the need for better biosecurity scores in Argentinian super-spreader farms.

## 1. Introduction

Animal movements are one of the major means for infectious disease transmission in livestock populations (Fèvre *et al.*, 2006; Fritzscheier *et al.*, 2000; Kao *et al.*, 2001; Mansley *et al.*, 2005; Ortiz-Pelaez *et al.*, 2006; Gilbert *et al.*, 2005). Among other factors, the likelihood of introduction of infectious agents in a farm will be a function of the number of movements in a given timespan and the possibility that their source be an infected farm. Similarly, farms with poor biosecurity scores are especially vulnerable to pathogen introduction (Amass *et al.*, 2004; Dewulf and Immerseel, 2018). Once the agent is introduced, disease spread in a country will largely depend on farms contact network (VanderWaal *et al.*, 2018; Thakur *et al.*, 2016) and the biosecurity measures implemented in them (Gibbens *et al.*, 2001). Consequently, restriction of animal movements is usually imposed to limit disease spread (Stärk *et al.*, 2006; Salman *et al.*, 2003; Martinez-Lopez *et al.*, 2009a; OIE 2014 terrestrial code: <http://www.oie.int/es/normas/codigo-terrestre/acceso-en-linea/>).

Network analysis has been widely used in veterinary epidemiology to assess and describe the spread of infectious diseases based on the interactions among farms or individuals (Keeling and Eames, 2005; Hanneman and Riddle, 2005). Farms that are central in the movements' network have an important role in such phenomenon (Dubé *et al.*, 2009). Therefore, a good understanding of animal movements is necessary to develop rational and targeted interventions to limit disease spread (Frössling *et al.*, 2012). Furthermore, a small fraction of the population might contribute disproportionately to the spread of an infectious disease. Woolhouse *et al.* (1997) formulated the empirical 80/20 rule according to which 20% of the population contributes to 80% of the transmission events. Those individuals in the 20% are called super-spreaders (Keeling and Eames, 2005). A similar phenomenon occurs when transmission is considered not between individuals of a population but between discrete populations in an area, for example between herds (Woolhouse *et al.*, 2005; Volkova *et al.*, 2010). Taking this feature into account may be useful for the development of targeted intervention strategies such as the improvement of biosecurity or surveillance measures upon the incursion of an exotic disease in the country (Frössling *et al.*, 2012). This is especially relevant for Argentina's pig industry whose steady growth over the past decade partly owes to the country's free status for most major livestock diseases (Monterubbianesi *et al.*, 2016, Carpinetti *et al.*, 2017; [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation)).

In countries with such competitive advantage, the introduction and eventual spread of a new pathogen—particularly one of easy transmission and dissemination—can have catastrophic consequences. Adopting preventive measures against the occurrence and spread of infectious agents along with

surveillance systems for early detection of exotic diseases and possible contingency plans is paramount.

The purpose of our study was to characterize the network of pig population movements in Argentina for a better understanding of potential disease spread together with the identification of super-spreader farms for targeted control and surveillance measures. The biosecurity level of those super-spreaders was evaluated in relation to their role in the transmission of diseases through animal movements.

## **2. Materials and Methods:**

### **2.1. Context of the study and type of movements.**

Pig farming in Argentina totals to 962,881 productive sows distributed in 16,408 farms. Producers that raise pigs for their own consumption are called non-commercial producers while those who sell pigs (to other farms or to slaughterhouses) are referred to as commercial producers and are assigned an identification number (called RENSPA) in an electronic registry. Nearly 1,007 pig commercial farms have more than 100 sows, 1935 have between 50 to 100 sows and 12,325 have between 10 to 50 sows (<http://www.senasa.gob.ar/cadena-animal/porcinos/informacion/informes-y-estadisticas>). Argentina's commercial productive chain is best described as a pyramid structure where officially registered suppliers of animals of high genetic value (gilts, sows or boars) and semen collection centers (boar nucleus) stand at the top. Gilt suppliers serve farrow-to-finish and farrow-to-nursery farms and, besides these, there are finishing farms that receive weaners or growers (7 Kg or more) from different origins and raise them until they reach the market weight (ca. 110-120 Kg). All commercial farms send animals to slaughterhouses and occasionally they may also send animals to fairs or markets.

At present, in Argentina, the only restriction on between-farm movements is the prohibition of transporting live pigs from Aujeszky's disease or porcine brucellosis positive farms to negative establishments. However, all animal movements must be registered in an electronic system.

Taking into account different types of risk for disease transmission such as animal category (breeders, weaners, etc.), origin and destination (Fèvre *et al.*, 2006) and the pig production chain in Argentina, the following movement types were distinguished:

- 1) **Animals of high genetic value (Genetic network):** movement of animals (gilts, sows and boars) from an officially registered supplier of animals of genetic value to a farm whose destination is neither a slaughterhouse, a fair/market nor a finishing farm.
- 2) **Markets:** movements whose departure or destination holding is a fair/market, regardless of the category of transported animals (sows, boars, gilts, etc.).
- 3) **Finishers:** Movements whose destination is a finishing farm.
- 4) **Slaughterhouse:** movements whose destination is a slaughterhouse, registered as such in the National Sanitary Registry of Agricultural Producers (RENSPA).

According to Argentinean regulations, movements between establishments having different RENSPA identification numbers must be recorded, even when involving animals from the same origin (for example between a site 2 and a site 3). Given the distances between different sites of the same farm, sometimes movements from a nursery to a fattening unit are required to be registered. These movements (2.89%) where the origin and destination were the same farm were excluded from the network, since no mixing with animals from another origin took place and, in practical terms, pigs never abandoned the same farm.

## **2.2 Data collection**

In Argentina, all livestock movements are electronically recorded by the National Food Safety and Quality Service (SENASA) using an online integrated information management system for animal health (SIGSA) which centralizes each farm's health information (animal category, owner, location, commercial inventories, incoming and outgoing animal movements, health record). Each farm is identified with a RENSPA number used to track movements in SIGSA. To analyze pig movements from 2014 to 2017, we accessed SIGSA and downloaded the total number of movement control forms (called DT-e) corresponding to this period, their source and target RENSPAs, animal category and number of animals moved.

Pending (procedure initiated, movement not made) or expired animal DT-es were discarded (2% per year). Additionally, for the 2014-2017 period, 86 registered movements with obvious errors (unlikely number of animals transported in a single truck, etc.) were discarded on 523,950 total movement. Moreover, movements from abroad with a quarantine station destination were discarded, but movements from quarantine stations to commercial farms were included.

### 2.3 Network analysis

Directed networks for genetic, market and finishing movements were built for each year (2014-2017). In these networks, each farm or market was represented as a node and pig movements among them as edges. The slaughter network was excluded because it represented a minor risk for farm-to-farm disease spread. Supplementary table 1 includes the definition of the different network measures used in the analysis.

We calculated different descriptors at network level for each year and movement type such as graph diameter, average path length, reciprocity, clustering coefficient and modularity. Then, we determined the main cohesive blocks and the giant strongly and weakly connected components in each graph. In addition, based on centrality measures at node level, we calculated weighted and unweighted out and in-degree and betweenness, as these values and those previously mentioned usually correlate with the probability of introduction or spreading infectious diseases and the size of the epidemic (Christley *et al.*, 2005; Kao *et al.*, 2006). The variable to generate the weighted measures was the number of animals involved in each movement. Spearman correlation between the in- and out-degree was also calculated for each year and movement type. Data were analyzed using package *igraph* (Csárdi and Nepusz, 2006) within R environment (R development Core Team, 2014).

Degree distribution of the genetic, finisher and market networks in the last year (2017) were analyzed to determine if they fitted a power-law distribution. This allowed the identification of super-spreaders existence in those populations, that is, nodes accounting for most of the contacts and therefore having a major contribution on disease spread. In a power-law distribution, it is generally assumed that  $P(X=x)$  is proportional to  $x^{-\alpha}$ , where  $x$  is a positive number and  $\alpha$  is greater than 1. In many real-world cases, the power-law behavior kicks in only above a threshold value  $x_{\min}$ . This was done following the guidelines proposed by Clauset *et al.* (2009). This approach combines maximum-likelihood fitting methods with goodness-of-fit tests on the Kolmogorov-Smirnov statistic and likelihood ratios. The cut-off value ( $X_{\min}$ ) and the value of  $\alpha$  for a given  $x_{\min}$  were estimated by conducting a hypothesis test to establish whether the observed distribution fitted a power-law. The package used was *powerLaw* (Colin and Gillespie, 2015) within R environment (R development Core Team, 2014).

Furthermore, average path lengths and clustering coefficients from the observed networks were compared with the confidence interval (percentiles 2.5 and 97.5) for the same descriptors obtained from 10,000 Erdős–Rényi network simulations. The method simulates a network with random



connections whose nodes and edges were of the same size as those in our study. If the clustering coefficients of the random network were smaller than those of the original calculation and the average path lengths were longer, networks were said to satisfy a small-world topology (Newman, 2000; Marquetoux *et al.*, 2006).

#### **2.4. Effect of network properties on the basic reproduction number ( $R_0$ )**

We followed Volkova *et al.* (2010) and Woolhouse *et al.* (2005) to estimate the basic reproduction number ( $R_0$ ) of the genetic network. This methodology is based on the fact that the heterogeneity in contact patterns enhances the transmission of infectious diseases through the network and estimates  $R_0$  by taking into account the average in- and out-degree and the variance and covariance of the contact rates. The centrality measures used were unweighted in order to explore potential spread of a highly transmissible disease in the network (Volkova *et al.*, 2010). To evaluate the impact of targeted interventions on super-spreaders in disease transmission we used the approach proposed by Marquetoux *et al.* (2016). Genetic farms were listed in a descending order according to the total degree and betweenness values. Successive simulations were carried out, removing farms one by one, starting from those with the highest degree values. For each simulation, a ratio between the  $R_0$  of the network after removing one or more farms and the total network's  $R_0$  without farms removed was calculated. Therefore, the ratio represented the fraction of the total  $R_0$  contributed by each farm or group of farms removed. The same procedure was repeated based on betweenness values. Then, farms which contributed to a 90%  $R_0$  reduction value were identified in each network, according to the two removal criteria (total degree or betweenness). When this calculation was done for each of the four years studied, it was possible to identify what farms in the genetic network acted as super-spreaders all throughout the study. The calculation was not done for finishers because these farms send animals to slaughterhouses or other finishers and, as result, their role in disease spread is much lower.

#### **2.5. Targeted interventions: external biosecurity in farms with a dominant role in disease spread**

The external biosecurity score of those farms that contributed to a 90% of  $R_0$  reduction in the genetic network was extracted from Alarcón *et al.*, (2019). In that study, a score named 'risk reduction percentage' was calculated for each genetic farm. Briefly, that was the ratio between the summary of all the biosecurity measures implemented in the farm at that time versus an ideal situation (i.e. the implementation of all different biosecurity measures). Percentage values lower than 95% imply that the adopted biosecurity measures in the farm are not optimal and that there is room for improvement.

In our study, the risk reduction percentage score was plotted against the order in which the different nodes were removed in the above-mentioned analysis. Then, for farms identified as super-spreaders for a given year, the number of farms receiving animals from them and the number of farms supplying them with animals were examined. Moreover, input and output aggregate movements were calculated in order to explore the number of farms originally sending pigs to the same super-spreaders and the number of farms super-spreaders send animals to, since the risk of infection raises not only with a higher degree (Christley *et al.*, 2005) but also when breeding pigs come from diverse origins (Dewulf and Immerseel, 2018).

### **3. Results**

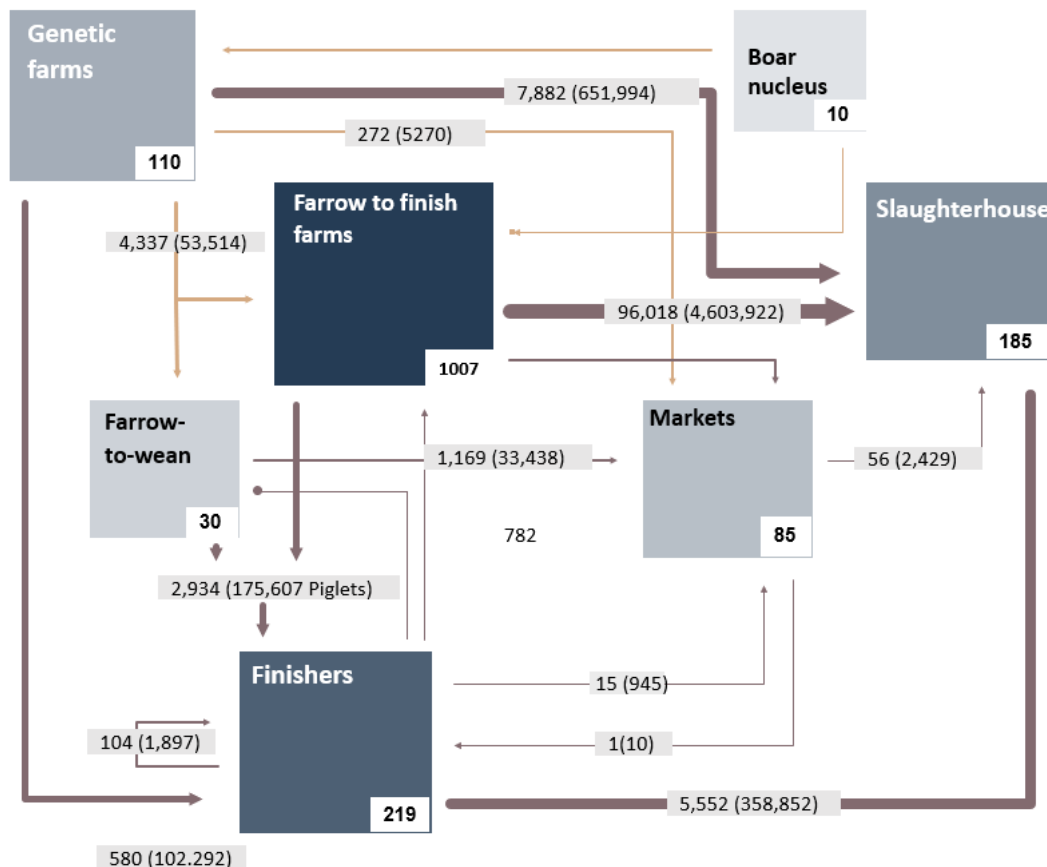
#### **3.1. General description of pig productive system in Argentina**

A yearly description of the number of pigs and movement records in Argentina is described in figure 1. Between 2014 and 2017, the total of pigs increased by 8.0%, 9.0% and 6.9%, respectively; whereas movements increased by 6.7%, 7.0% and 1.4%. On average, 6,693,357 animals and 130,966 movements per year were officially recorded throughout this study. Among the latter, 83.57% were to slaughterhouses, 3.33% were movements of animals coming from genetic establishments, 3.03% were movements to finishing holdings, 2.89% were movements of piglets among sites of the same farms and 1.24% were movements from or to markets. Finally, 5.9% (average for the four years) of the movements were not classified in any of the networks built because they corresponded to imports (destined to quarantine stations) or exports (animals sent to the border), returns (animals that for some reason were not received at the destination farm) or animals used for research purposes, among other categories.

On average, 5.6 million pigs were slaughtered each year. Of these, 4.9 million came from farrow-to-finish farms and the rest from finishers or genetic farms. Throughout the period of our study, 86-95 out of the 110 establishments registered as official suppliers of high genetic value breeders moved and contributed to transportation of animals to 1,546 farms (40,000 gilts, 10,000 sows and 1,500 males). The discrepancy between the total number of registered genetic farms and those moving animals results from farms being on a temporary cease of operations, change of genetic sources (re-stocking), depopulations, etc.

In the studied period, between 210 and 219 finishing holdings received animals. Finishers mainly received animals from other commercial holdings and only 2.87% (104/3619) of the incoming movements were from another finisher farm. Regarding markets, incoming movements were on average 1,543 per year but the outgoing movements were only 75 per year, a value that revealed a problem with the official records of the outgoing movements in such markets.

**Figure 1.** Diagram of pig commercial movements in Argentina, in 2017. Each element of the pig chain (suppliers of animals of high genetic value, farrow-to-finish farms, finishers, etc.) is represented by a shadowed square with an indication of the number of farms or locations (white box). Movements between two elements of the chain are represented by lines. The thickness of the line is proportional to the number of transported animals. For each line, two values are shown: the first indicates the number of movements between two elements of the pig chain (from location *a* to location *b*); the second -between parentheses- indicates the number of transported pigs. Lines with a dot indicate breeders' flow (female or male).



### 3.2. Networks description of pig movements

Table 1 shows the descriptive and cohesion measures at network level for the year 2017 (other years are shown in supplementary material S2). The number of nodes in the genetic network was higher

than in the market and finisher networks, whereas density (the fraction of all possible edges realized in the network) was higher in the market and finisher networks.

**Table 1.** Network descriptive and cohesion measures according to movement types for 2017.

<b>Networks measures</b>	<b>Genetic</b>	<b>Finisher</b>	<b>Market</b>
<b>Number of nodes</b>	1,444	855	356
<b>Number of edges</b>	3,417	3,238	1,317
<b>Density</b>	0.002	0.005	0.011
<b>Diameter</b>	6	2	2
<b>Average path length</b>	1.758	1.124	1.005
<b>Reciprocity ratio</b>	0.014	0	0
<b>Clustering Coefficient or Transitivity</b>	0.007	0.001	0
<b>Number of blocks (Communities)</b>	185	105	22
<b>Giant Weakly connected components (GWC)</b>	16	99	16
<b>Giant Strongly connected components (GSC)</b>	1435	855	356
<b>Modularity</b>	0.040	0.663	0.197

As shown by its diameter, the distance between the most separate farms/nodes in the genetic network is six hops, whereas in the market and finisher networks it is only two. The average path length from the different networks ranged from 1.00 to 1.75 and the clustering coefficient varied from 0 (market network) to 0.071 (genetic).

For the genetic network, the clustering coefficient weighted by the number of moved animals was higher than for the Erdős–Rényi network (0.0071 in the original vs. percentile (2.5) = 0.001; percentile (97.5) = 0.005 in the random network) but lower for the finisher and market network. In contrast, when the comparison was made using the average path length values of the original networks, these were shorter than those 2.5 and 97.5 percentiles of the random network (1.76 vs. 7.86-8.25; 1.12 vs. 5.11-5.22 and 1.01 vs. 4.48-4.65 for the genetic, finisher and market networks, respectively). Accordingly, only the genetic network fulfilled the requirements of a small-world topology.

The analysis also revealed the existence of different groups as cohesive blocks with clear connection circuits (supplementary figure S3). Reciprocity was slightly above zero only in the genetic network, indicating a small fraction of bi-directional movements within this population. This last result was

also evident when we determined the strongly and weakly connected components as well as the modularity from these graphs.

Calculating the size of strongly (GSCC) and weakly (GWCC) giant connected components provides an estimate of the limits of a potential epidemic (Kao et al, 2006). In the present study, GSCC comprised many components consisting of one or few nodes in the genetic, finisher and market networks. This indicated highly unidirectional networks, particularly for the genetic one, which showed the lowest occurrence of reversal links. On the other hand, GWCC comprised several components consisting of many nodes of a larger size and higher modularity in the finisher network, and an intermediate situation in market network.

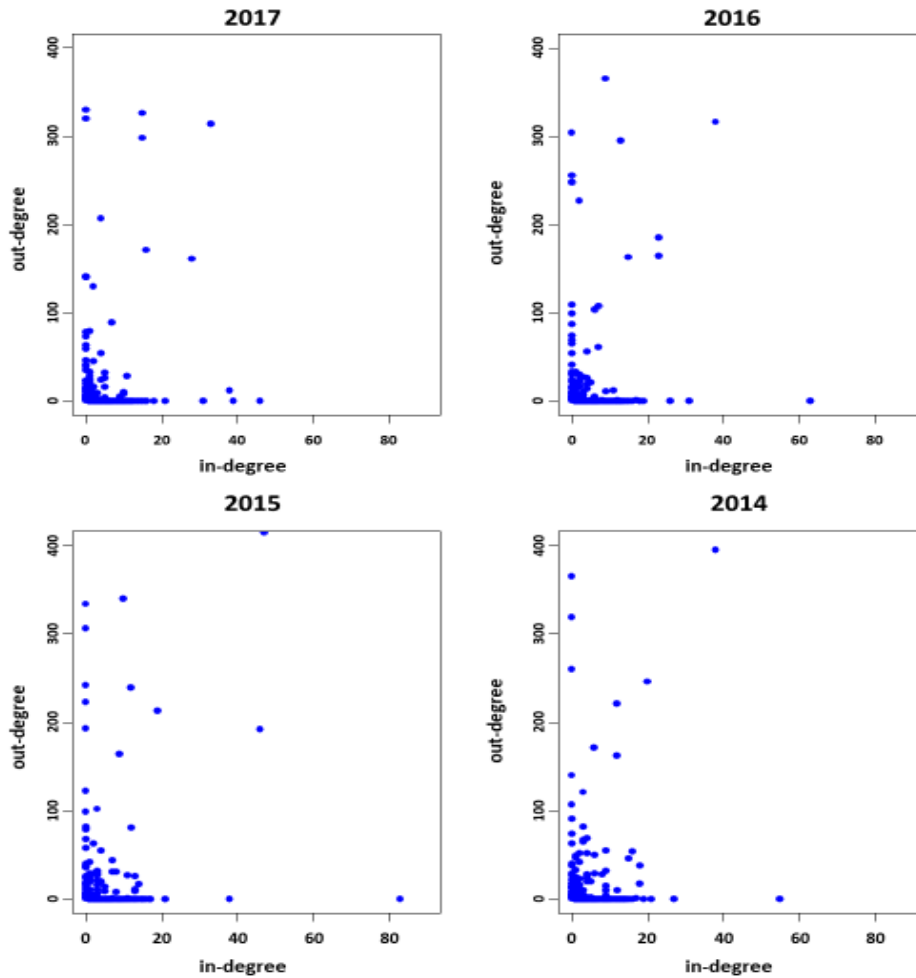
Results for degree and betweenness at node level in the network for 2017 (Table 2) exhibited large variation between nodes and highly asymmetrical distributions for each measure. Supplementary material S4 shows these measures for the rest of the networks (2014-2016). The nodes with the lowest degree had values of 0 or 1, and the maximum of degree values in networks were 299-971. Unweighted degree ranged from minimums of 1-22 up to maximums of 347-971 edges according to network, with a higher preponderance of out edges in the genetic and finisher network compared to markets (Table 2). The Spearman correlation coefficient between the in-degree and the out-degree ranged from -0.16 to -0.73, with clearly no linear relationships. This value was not calculated for the market network since one of the markets concentrated most of the movements (76.87%). Figure 2 shows the relationship between in-degree and out-degree for the four-year period in the genetic network. Supplementary figure S5 shows a similar graph for the finisher network.

In-degree and out-degree values at node level were fitted to a power-law distribution model and the tail of the observed distribution satisfied it (exponent alpha values: in-degree/out-degree: genetic network=4.17/1.81, finisher=2.29/2.43, market= 1.64/3.29. Xmin in-degree/out-degree: genetic network= 9/14, finisher= 31/9, market= 12/10). The goodness tests performed were unable to reject the null hypothesis (p-values=0.11-0.99) in all cases. Hence, the observed distributions indicated that the power-law model was plausible for all networks.

**Table 2.** Summary of distributional aspects (minimum, quartiles, median and maximum) for four main centrality measures (i.e. total, in- and out-degree, and betweenness) at node level for each movement-type of networks. For each column, the value at the right is unweighted and the value after the dash is weighted by the number of animals (year 2017).

	Genetic network					Finishing network					Market network				
	Min	Q1	Median	Q3	Max	Min	Q1	Median	Q3	Max	Min	Q1	Median	Q3	Max
<b>Total degree</b>	1/22	1/1996	2/10715	4/7390	347/665,119	1/6	1/2,058	2/4,065	6/10,785	386/1,322,629	1/3	1/965.5	2/1,652.5	6/4,241.2	971/679,186
<b>In degree</b>	0/0	1/1727	2/5357	3/6648	46/108,043	0/0	0/0	0/0	1/0	386/194,768	0/0	0/0	0/0	0/0	971/679,186
<b>Out degree</b>	0/0	0/0	0/0	0/0	330/664,782	0/0	1/0	1/0	4/342.5	110/1,322,629	0/0	1/183.2	1/1,150.2	5/3,325	32/44,270
<b>Betweenness</b>	0/0	0/0	0/0	0/0	719/3.5x10 <sup>-4</sup>	0/0	0/0	0/0	0/0	71/9.7x10 <sup>-5</sup>	0/0	0/0	0/0	0/0	2/1.5x10 <sup>-5</sup> /

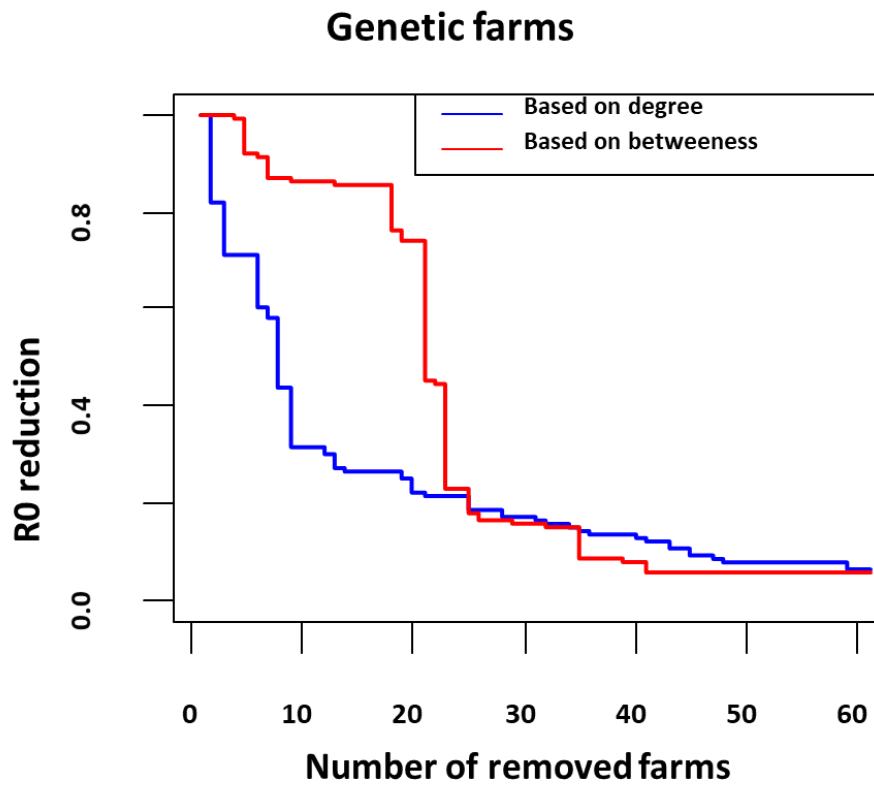
**Figure 2.** Scatterplot of the unweighted in-degree versus the unweighted out-degree for the genetic network. The year of each network is indicated above the plot. Spearman correlation coefficient (2014 to 2017): -0.07, -0.11, -0.13 and -0.16).



### 3.3. Targeted interventions on super-spreaders: carry over effects on potential disease transmission and the relationship with their biosecurity level

The removal of 3.39-4.57% of farms (48-66 farms out of an average of 1,613/year) from the genetic network allowed for a 90% reduction of the  $R_0$  value in the different years (from 2014 to 2017). The set of farms contributing to that 90% were considered as super-spreaders. In total, 86 farms were identified as such in the four-year period studied, 31 (36.1%) of which were super-spreaders every year. Additionally, 14 (16.3%), 21 (24.4%) and 20 (23.3%) farms were identified as super-spreaders in three, two and only one year, respectively. Figure 3 shows  $R_0$  reduction in 2017. In that year, 48 farms were identified as super-spreaders.

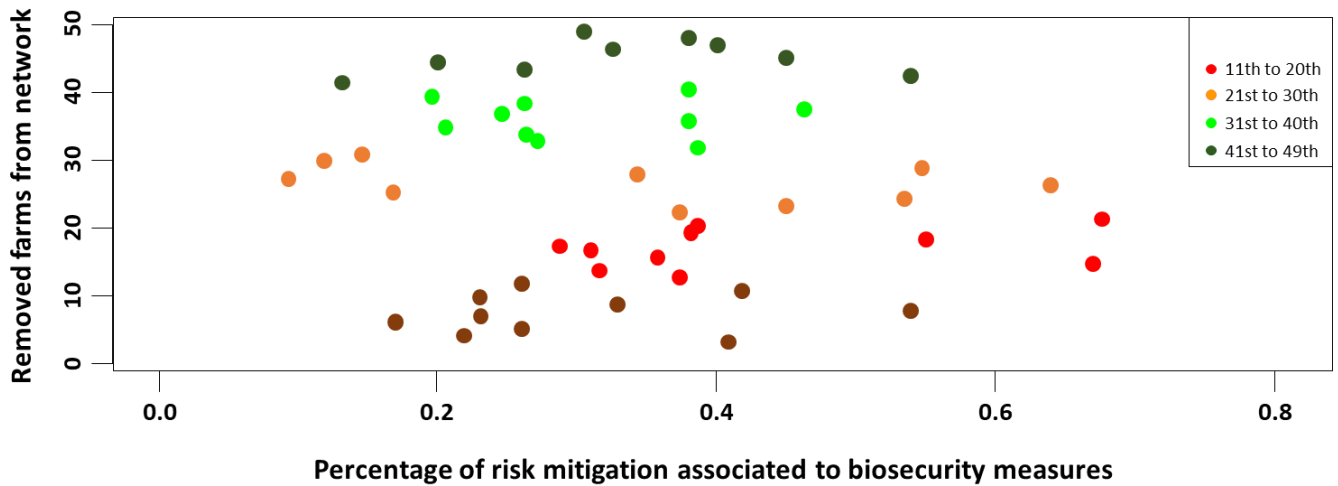
**Figure 3.** Impact of targeted removal of farms on  $R_0$  value expressed in relative terms (reduced network/full network) based on two potential spread measures: unweighted total degree (blue) and unweighted betweenness (red) in descending order (from higher to lower degree or betweenness) for genetic farms in 2017.



To assess the relationship between super-spreader farms biosecurity scores and their contribution to the reduction of  $R_0$ , the score for the risk mitigation percentage in case of disease introduction was plotted against the reduction of  $R_0$  value in 2017, in order of the magnitude of the reduction (Figure 4). Several farms with a high potential to spread infectious diseases had a low level of biosecurity.

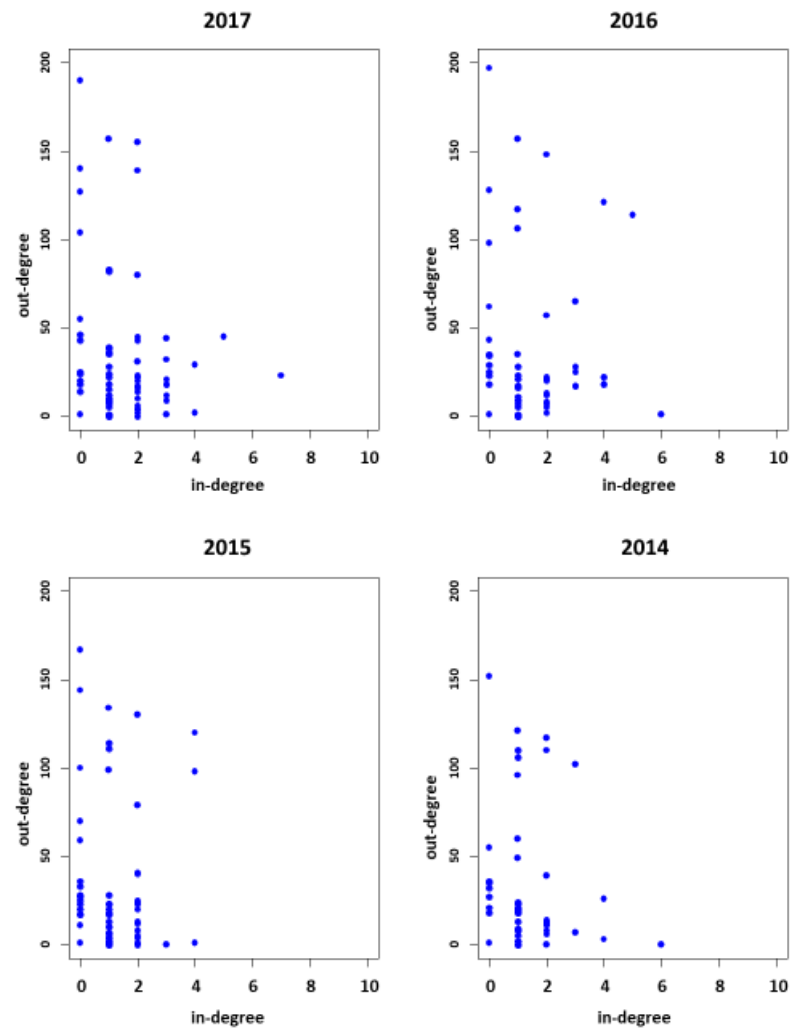


**Figure 4.** Distribution of farms contributing to a 90% of reduction of  $R_0$  in the genetic network. The Y-axis represents the order in which farms in the network were removed, from the first to the one that reached a 90% reduction of the  $R_0$ . The X-axis represents the percentage of risk mitigation for introduction of a disease attributable to biosecurity measures.



Interestingly, super-spreaders send animals to a median of 20 farms with a maximum of 197 destination farms per year (Figure 5). This indicates that the introduction of a transmissible agent in one of those farms will have a huge impact in the spread of infection, as evidenced by the maximum number of infected farms in a possible epidemic in genetic network, estimated by the GSCC.

**Figure 5.** Aggregated in-degree and out-degree for super-spreaders. Each graph depicts the number of farms sending animals to super-spreaders in a given year (in-degree) and the number of farms that super-spreaders of genetic networks send animals to (out-degree).



#### 4. DISCUSSION

This study is the first network analysis of pig movements in Argentina. Data used were downloaded from SENASA's electronic registry and comprised all pig movements from or to commercial holdings in the country, except for a minor proportion of movements destined to a quarantine facility, animals moved for research purposes and undetermined records. Globally, more than 93% of movements were used in the analysis and, therefore, the data can be considered to be highly representative of Argentina's situation. However, it is worth noting that the system was not recording adequately the outgoing movements from fairs or markets since the number of ingoing movements

was disproportionately higher than the outgoing ones. The most likely cause is that DT-e forms were issued for outgoing movements but confirmation of arrival to destination was not registered by the recipient farm. As a result, the DT-e was not closed and was considered expired by the system. This emphasizes the need for educating all people involved in the recording of movements and raising awareness on the importance of having accurate data.

According to Dubé *et al.* (2009), network analysis is adequate to characterize livestock movements and the impact that the contact structure has on the spread of diseases. In the present study, we followed the methodology used in other works (Woolhouse *et al.*, 2005; Volkova *et al.*, 2010; Marquetoux *et al.*, 2016). We considered the year as the time period for aggregating data. It could be argued that by using a one-year period maybe we are overestimating the impact of the observed super-spreaders since most diseases would be detected in the population before one year of circulation. Be that as it may, movements of pigs in Argentina do not show a remarkable seasonal pattern. Moreover, given the nature of commercial pig production in the country, where in practical terms all farms operate with weekly farrowing batches, the number of movements is distributed evenly across the year (on average 8.3% of movements each month with a 0.7% standard deviation). In our opinion, the identification of super-spreaders should not be affected by the time scale chosen.

In the present case, the genetic network fulfilled all the requirements for being a small-world topology and a scale-free network in agreement with what other researchers found (reviewed by Dubé *et al.*, 2009). In contrast, the finisher and market networks did not. This apparent contradiction can be explained by the nature of the networks themselves. For finishers, most of the outgoing movements were to slaughterhouses and, in consequence, they were removed from the database (dead-end movement). In the case of the market network, a single market accounted for three quarters of the movements in this category.

Regarding the degree measure, the Spearman correlation coefficients between the in-degree and the out-degree for the genetic and finisher networks were negative, low for the genetic one and negative and high for the other networks. In the case of the genetic network this indicates that genetic farms would mostly act as spreaders although they can also be recipients of the disease. This is consistent with the swine production structure where producers of gilts sell to many farms.

The calculation of  $R_0$  and the reduction of this value as a consequence of farm removals were only done for the genetic network, since finishers were dead ends regarding transmission. As seen in Figure 3, removal of farms based on degree resulted in a faster decrease of  $R_0$  in agreement with Marquetoux

*et al.* (2016). However, some farms with a very high degree might have a very low betweenness and they would not be recognized as super-spreaders based only on this last node centrality measure. Both measures might be relevant for disease spread, since degree is correlated with the probability of a farm receiving/spreading disease and betweenness with the ability of a farm to link groups of farms. By using both degree and betweenness, a better identification of super-spreaders could be made. For the genetic network, removal of less than 5% of the nodes resulted in a  $\geq 90\%$  reduction of the  $R_0$  indicating the significant role of those farms in the spread of the disease. Moreover, those farms are obvious targets for surveillance and improved biosecurity plans.

As seen in Figure 4, super-spreaders biosecurity scores in the genetic network can be highly improved. It is important to note that many of those super-spreaders had contact with many different farms. If the disease reached those super-spreaders, the epidemic would affect most of Argentina's pig production system. Therefore, a targeted plan for motivating farmers, especially super-spreader owners, as regards biosecurity improvement should be a national priority. In addition, targeted surveillance for critical pathogens should focus on those farms. Risk analysis estimating the entry pathways of different pathogens to super-spreaders are also highly needed to reduce the risk of disease spread in the country.

In summary, in this study we identified pig farms with a critical role in disease transmission in Argentina and we examined their biosecurity level. Our findings showed that super-spreaders were also at risk of introducing diseases due to their limited biosecurity and are key targets for prevention and intervention actions.

### **Acknowledgements:**

We would like to thank the National Service for Health and AgriFood Quality (SENASA).

### **Conflict of Interest Statement:**

None.

### **References**

1. Alarcón L.V., Monterubbianesi M., Perelman S., Sanguinetti H. R., Perfumo C.J., Mateu E. & Allepuz A. (2019). Biosecurity Assessment of Argentinian Pig Farms. *Prev. Vet. Med.* (In press).
2. Amass S., Mason P., Pacheco J., Miller C., Ramirez A., Clark L., Ragland D., Schneider J. & Kenyon S. (2004). Procedures for preventing transmission of foot-and-mouth disease virus (O/TAW/97) by people. *Veterinary Microbiology* 103: 143-149.
3. Arruda A.G., R. Friendship, J. Carpenter, K. Handc & Z. Poljak. (2016). Network, cluster and risk factor analyses for porcine reproductive and respiratory syndrome using data from swine sites participating in a disease control program. *Prev. Vet. Med.* 128, 41-50. DOI: 10.1016/j.prevetmed.2016.03.010

4. Carpinetti B., Castresana G., Rojas P., Grant J., Marcos A., Monterubbianesi M., Sanguinetti HR, Serena M.S., Echeverría M.G., Garcarena M. & A. Aleksa. (2017). Determinación de anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos seleccionados en la población de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Argentina. *Analecta Vet* 37: 21 – 27.
5. Christley, R.M., G.L. Pinchbeck, R.G. Bowers, D. Clancy, N.P. French, R. Bennett, & J. Turner. (2005) Infection in social networks: using network analysis to identify high-risk individuals. *Am. J. Epidemiol.* 162, 1024–1031. DOI: [10.1093/aje/kwi308](https://doi.org/10.1093/aje/kwi308).
6. Clauset, A., C.R. Shalizi, & M.E.J. Newman. (2009). Power-law distributions in empirical data. *SIAM review* 51, 661–703. DOI: [10.1137/070710111](https://doi.org/10.1137/070710111)
7. Csardi, G. & T. Nepusz. (2006). The igraph software package for complex network research. *Int. J. Complex Syst.* 1695, 1–9.
8. Colin S. Gillespie. (2015). Fitting Heavy Tailed Distributions: The powerLaw Package. *Journal of Statistical Software*, 64(2), 1-16. DOI: [10.18637/jss.v064.i02](https://doi.org/10.18637/jss.v064.i02)
9. Dewulf J. & F. Van Immerseel. Biosecurity in animal production and veterinary medicine. (2018). Acco Leuven / Den Haag, Belgium.
10. Dubé, C., C. Ribble, D. Kelton & B. McNab. (2009). A review of network analysis terminology and its application to foot-and mouth disease modelling and policy development. *Transbound. Emerg. Dis.* 56, 73–85. DOI: [10.1111/j.1865-1682.2008.01064.x](https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2008.01064.x)
11. Erdos, P. & A. Rényi. (1960). On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hungar. Acad. Sci* 5, 17–61. DOI: 10.1.1.153.5943
12. Fèvre, E.M., B.M.D.C. Bronsvoort, K.A. Hamilton & S. Cleaveland. (2006). Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends Microbiol.*, 14, 125–131. DOI: [10.1016/j.tim.2006.01.004](https://doi.org/10.1016/j.tim.2006.01.004)
13. Fritzemeier J., J. Teuffert, I. Greiser-Wilke, C. Staubach, H. Schlüter, & V. Moennig. (2000). Epidemiology of classical swine fever in Germany in the 1990s. *Vet Microbiol.* 77: 29-41. DOI: [11042398](https://doi.org/10.1016/j.jm.2000.01.004)
14. Frössling J., Ohlson A., Björkman C., Hakansson N. & M. Nöremark. (2012). Application of network analysis parameters in risk-based surveillance- Examples based on cattle trade data and bovine infections in Sweden. *Prev. Vet. Med.* 105, 202-208. DOI: [10.1016/j.prevetmed.2011.12.011](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2011.12.011)
15. Gibbens J.C., Sharpe C., Wilesmith J.W., Mansley L.M., Michalopoulou E., Ryan J.B. & M. Hudson. (2001). Descriptive epidemiology of the 2001 foot-and-mouth disease epidemic in Great Britain: the first five months. *Vet. Rec.* 149 :729-43. <http://dx.doi.org/10.1136/vr.149.24.729>
16. Gilbert, M., Mitchell, A., Bourn, J., Mawdsley R., Clifton-Hadley, R. & W. Wint. (2005). Cattle movements and bovine tuberculosis in Great Britain. *Nature*, 435, 491-496. DOI: [10.1038/nature03548](https://doi.org/10.1038/nature03548)
17. Green D.M., I. Z. Kiss & R. R. Kao. (2006). Modelling the initial spread of foot-and-mouth disease through animal movements. *Proc. R. Soc.* 273, 2729–2735. DOI: [10.1098/rspb.2006.3648](https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3648)
18. Hanneman R. A. & M. Riddle. (2005). *Introduction to social network methods*, Riverside, CA, University of California, Riverside.
19. Kao, R.R., L. Danon, D.M. Green & I.Z. Kiss. (2006). Demographic structure and pathogen dynamics on the network of livestock movements in Great Britain. *Proc. Biol. Sci.* 273, 1999–2007. doi: [10.1098/rspb.2006.3505](https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3505).
20. Keeling, M.J., & K.T.D. Eames. (2005). Networks and epidemic models. *J. R. Soc. Interface* 2, 295–307. DOI: [10.1098/rsif.2005.0051](https://doi.org/10.1098/rsif.2005.0051)
21. Lee, K., D. Polson, E. Lowe, R. Main, D. Holtkamp & B. Martínez-López. (2007). Unraveling the contact patterns and network structure of pig shipments in the United States and its association with porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) outbreaks. *Prev. Vet. Med.* 138, 113-123. DOI: [10.1016/j.prevetmed.2017.02.001](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2017.02.001)
22. Mansley, L.M., P.J. Dunlop, S.M. Whiteside, & R.G. Smith. (2003). Early dissemination of foot-and mouth disease virus through sheep marketing in February 2001. *Vet. Rec.* 153, 43-50.
23. Marquetoux, N., Stevenson M., Wilson, P., Ridler, A. & C. Heuer. (2016). Using social network analysis to inform disease control interventions. *Prev. Vet. Med.* 126, 94-104. doi: [10.1016/j.prevetmed.2016.01.022](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.01.022)
24. Martínez-López, B., A. Perez, & J. Sánchez-Vizcaíno. (2009). Social network analysis. Review of general concepts and use in preventive veterinary medicine. *Transbound. Emerg. Dis.* 56, 109–120. DOI: [10.1111/j.1865-1682.2009.01073.x](https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2009.01073.x)
25. Monterubbianesi M., Vidal M., Debenedetti R., Suárez M., Barral L. & S. Duffy. 2016. Serological Surveillance of the Porcine Reproductive Respiratory Syndrome in Argentina (2010-2015). XIII Congreso Nacional de Producción Porcina. Memorias XIX.

26. Moody J. & D. R. White. Structural cohesion and embeddedness: A hierarchical concept of social groups. *American Sociological Review*, 68(1):103–127, Feb 2003. [http://eclectic.ss.uci.edu/~drwhite/soc\\_con17.pdf](http://eclectic.ss.uci.edu/~drwhite/soc_con17.pdf)
27. Natale, F., A. Giovannini, L. Savini, D. Palma, L. Possenti, G. Fiore, & P. Calistri. (2009). Network analysis of Italian cattle trade patterns and evaluation of risks for potential disease spread. *Prev. Vet. Med.* 92, 341–350. doi: 10.1016/j.prevetmed.2009.08.026
28. Newman M. E. J. (2000). Models of the Small World. *Journal of Statistical Physics*, 101, 34. <https://arxiv.org/abs/cond-mat/0001118v2>
29. Newman, M. E. J. (2002). Spread of epidemic disease on networks. *Phys Rev. E* 66, 016128. <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.66.016128>
30. Nöremark, M., N. Håkansson, S.S. Lewerin, A. Lindberg, & A. Jonsson. (2011). Network analysis of cattle and pig movements in Sweden: measures relevant for disease control and risk-based surveillance. *Prev. Vet. Med.* 99, 78–90. doi: 10.1016/j.prevetmed.2010.12.009
31. Ortiz-Pelaez, A., D.U. Pfeiffer, R.J. Soares-Magalhães, & F.J. Guitián. (2006). Use of social network analysis to characterize the pattern of animal movements in the initial phases of the 2001 foot and mouth disease (FMD) epidemic in the UK. *Prev. Vet. Med.* 76, 40–55. DOI: [10.1016/j.prevetmed.2006.04.007](https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2006.04.007)
32. R Development Core Team. (2014). *A Language and Environment for Statistical Computing*, Vienna, Austria.
33. Riley S., Fraser C., Donnelly C.A., Ghani A.C., Abu-Raddad L.J., Hedley A.J., Leung G.M., Ho L.M., Lam T.H., Thach T.Q., Chau P., Chan K.P., Lo S.V., Leung P.Y., Tsang T., Ho W., Lee K.H., Lau E.M., Ferguson N.M. & R.M. Anderson. (2003). Transmission dynamics of the etiological agent of SARS in Hong Kong: impact of public health interventions. *Science* 300, 1961–1966. DOI: [10.1126/science.1086478](https://doi.org/10.1126/science.1086478)
34. Salines M., M. Andraud & N. Rose. (2018). Combining network analysis with epidemiological data to inform risk-based surveillance: Application to hepatitis E virus (HEV) in pigs. *Prev. Vet. Med.* 149, 125–131. doi: 10.1016/j.prevetmed.2017.11.015
35. Stärk K.D.C., G. Regula, J. Hernandez, L. Knopf, K. Fuchs, R. S Morris & P. Davies. (2006). Concepts for risk-based surveillance in the field of veterinary medicine and veterinary public health: Review of current approaches. *BMC Health Services Research*, 6:20. doi: 10.1186/1472-6963-6-20
36. Thakur, K., Revie, C., Hurnik, D., Poljak, Z. & J. Sánchez. (2014). Analysis of swine movement in four Canadian regions: network structure and implications for disease spread. *Transbound. Emerg. Dis.* 63, e14-e26. doi: 10.1111/tbed.12225
37. VanderWaal K., A. Perez A., Torremorell M., Morrison R. M. & M. Craft. (2018). Role of animal movement and indirect contact among farms in transmission of porcine epidemic diarrhea virus. *Epidemics*. 2018 Sep;24:67-75. doi: 10.1016/j.epidem.2018.04.001.
38. Volkova, V.V., R. Howey, N.J. Savill & M.E.J. Woolhouse (2010). Sheep movement networks and the transmission of infectious diseases. *PLoS ONE* 5, e11185. doi: [10.1371/journal.pone.0011185](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011185)
39. Wasserman, S. & K. Faust. (1994). *Social Network Analysis: Methods and Applications*, Vol. 8. doi.org/10.1017/CBO9780511815478
40. Watts, D.J. & Strogatz, S.H. (1998). Collective dynamics of “small-world” networks. *Nature*, 393, 440–442. <http://worrydream.com/refs/Watts-CollectiveDynamicsOfSmallWorldNetworks.pdf>
41. White, Douglas R & Frank Harary. (2001). The Cohesiveness of Blocks in Social Networks: Node Connectivity and Conditional Density. *Sociological Methodology* 31 (1): 305-359. <http://links.jstor.org/sici?sici=00031224%28200302%2968%3A1%3C103%3ASCAEAH%3E2.0.CO%3B2-2>
42. Woolhouse, M., C. Dye, J-F. Etard, T Smith, J.D. Charlwood, G.P. Garnett, P. Hagan, J.L. K. HII, P.D. Ndhlovu, R.J. Quinnell, C.H. Watts, S.K. Chandiwana & R.M. Anderson. (1997). Heterogeneities in the transmission of infectious agents: Implications for the design of control programs. *Proc. Natl. Acad.* 94, 338-342. [https://www.research.ed.ac.uk/portal/files/15514681/Heterogeneities\\_in\\_the\\_transmission\\_of\\_infectious\\_agents.pdf](https://www.research.ed.ac.uk/portal/files/15514681/Heterogeneities_in_the_transmission_of_infectious_agents.pdf)
43. Woolhouse M.E.J., D. J. Shaw, L. Matthews, W.-C. Liu, D. J. Mellor & M. R. Thomas. (2005). Epidemiological implications of the contact network structure for cattle farms and the 20–80 rule. *Biol. Lett.* 1, 350–352. doi: [10.1098/rsbl.2005.0331](https://doi.org/10.1098/rsbl.2005.0331)

## Web References:

1. <http://www.oie.int/es/normas/codigo-terrestre/acceso-en-linea/>
2. <http://www.senasa.gob.ar/cadena-animales/porcinos/informacion/informes-y-estadisticas>
3. [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation)



## **5.DISCUSIÓN GENERAL**





La Argentina es un país con una extensa tradición ganadera que tradicionalmente se ha centrado en la producción bovina, siendo esta carne la que se consume principalmente en el país y se exporta. Sin embargo, en los últimos 15 años la producción porcina ha crecido constantemente tanto en censo como en número de granjas como en su tamaño y tecnificación. Son diversos los motivos que han alimentado este crecimiento constante, que ha llegado a mantenerse en un 6% anual. En primer lugar, muchos agricultores quisieron dar un valor agregado a su producción y colocar en sus campos granjas de cerdos que se alimentaban a un coste muy asequible con la soja o el maíz producido. En segundo lugar, aunque el consumo de carne de cerdo o embutidos es relativamente pequeño en comparación al de la carne bovina, la industria argentina era deficitaria en producción por lo que el mercado interno podía absorber cantidades crecientes de carne de cerdo. En tercer lugar, la demanda creciente de carne de los mercados externos (como Rusia o China) ha sido también un aliciente. Como resultado del alineamiento de estas circunstancias, los márgenes comerciales de la producción porcina argentina han sido excepcionalmente buenos<sup>1</sup>.

Aparte de las circunstancias mencionadas, la Argentina goza de una ventaja competitiva adicional, su estado sanitario. Siendo libre de la mayoría de las enfermedades de las listas internacionales, entre ellas el PRRS o las pestes porcinas (Monterubbianesi *et al.*, 2016, Carpinetti *et al.*, 2017) y con la enfermedad de Aujeszky prácticamente confinada a la producción de traspatio (Monterubbianesi M., 2016), las perspectivas para la exportación son favorables. Sin embargo, la relativa juventud de la producción porcina industrial en el país lo que lleva aparejada una cierta inexperiencia, la creciente necesidad de importar animales de remplazo para mantener el ritmo de crecimiento y el estatus sanitario de algunos de los países limítrofes en los que se presenta PRRS o peste porcina clásica entre otras enfermedades, constituyen un riesgo<sup>3</sup>.

En este contexto, esta tesis examina el nivel de bioseguridad de las granjas industriales del país y valora el potencial de diseminación de enfermedades a través de los movimientos de animales. En la práctica, esto constituye un examen de la vulnerabilidad de la producción argentina frente a la introducción de patógenos importantes que pudieran amenazar la industria porcina nacional. El análisis de riesgo de la posible introducción de un patógeno nuevo bien fuera por canales legales o bien clandestinos, se ha excluido de la presente tesis ya que la magnitud de dicho estudio sería merecedora de una tesis por sí sola.

En el caso argentino, la producción porcina está claramente dividida en dos sectores: uno formado por las granjas comerciales; industrial, moderno, tecnificado y altamente desarrollado y otro, la

producción de traspatio; familiar, a pequeña escala y dirigido al autoconsumo o a la venta al por menor en el entorno más local<sup>1</sup>. En la presente tesis nos hemos centrado en la producción comercial del país, por ser la más numerosa en censo de cerdos y por su importancia, así como por el enorme impacto económico que tendría la entrada de una enfermedad grave que pudiera tener una diseminación epidémica.

En un primer estudio abordamos el análisis de la bioseguridad de las granjas argentinas. La primera población estudiada fueron todos los núcleos y multiplicadores genéticos. Éstos son quienes reciben más animales del exterior para mantener el progreso genético y quiénes luego los van a vender a un gran número de explotaciones por lo que tienen un enorme potencial para la diseminación de enfermedades. Luego, analizamos la bioseguridad en las granjas comerciales de producción. De esta manera pudimos tener una imagen en dos tipos diferentes de granjas según el riesgo y su lugar en la cadena productiva.

Esta primera parte del estudio incluyó a todos los vendedores de genética del país y a una proporción importante de las granjas comerciales de tal modo que en total se examinó el 38% de la producción industrial argentina, un hecho sin precedentes en el país. Esto sólo fue posible gracias a la colaboración de SENASA, que desde un principio se involucró en esta tarea y puso a disposición medios y datos. Como en todo proceso que se realiza por primera vez, tuvo que validarse la recogida de datos y enmendar algunos problemas en el proceso de recogida de los mismos. Sin embargo, esta revalidación sirvió para asegurar la confiabilidad de los resultados.

Tras caracterizar la bioseguridad de las granjas, evaluamos los movimientos de los cerdos para tener una idea de qué sucedería si un patógeno nuevo entrara en alguna de las granjas del sistema productivo comercial de la Argentina. Los movimientos de animales son una parte consustancial de los sistemas de producción actuales, donde los distintos tipos de granjas (genética, producción, engorde) están separados. En el caso argentino, las ferias también son importantes centros de recepción y distribución de animales. A esto debe sumarse que, debido a las grandes distancias entre granjas, los costos logísticos del transporte son altos, lo que promueve que un mismo camión visite varias granjas para la descarga de reproductores o el retiro de animales.

Para el análisis de los movimientos, éstos se dividieron según el tipo de cerdo movido y/o las características de los nodos, ya que consideramos que los riesgos no son los mismos si el contacto

entre granjas es un animal adulto o un lechón o cerdo de engorde. Tampoco consideramos que fuera equivalente el riesgo de mover animales hacia una feria que hacia un matadero o hacia un engorde (Fèvre *et al.*, 2006). Quizás hubieran podido evaluarse todos los movimientos en una misma red, pero asumimos que esto hubiera disminuido la facilidad de comprensión del análisis de los movimientos de cada parte de la cadena productiva.

Los resultados obtenidos mostraron que, con independencia del tipo de granja, en la Argentina pueden reconocerse tres tipologías de explotación en función de su bioseguridad: granjas de alta bioseguridad, que suelen corresponder a granjas de nueva construcción, de empresas grandes y granjas de media y baja bioseguridad, que corresponden a explotaciones menos modernas y tecnificadas. Desde el punto de vista de la sanidad, resulta preocupante la existencia de granjas que venden reemplazos de alto valor genético y que aplican muy pocas medidas de bioseguridad ya que se pueden convertir en diseminadores de cualquier nuevo agente que entre en ellas.

Cuando se examinó la red de movimientos, nuevamente se observó que las granjas de genética representaban el mayor riesgo. El emparejamiento de los potenciales súper-diseminadores con su estatus de bioseguridad produjo un panorama alarmante ya que, de nuevo, algunos de los súper-diseminadores poseían un nivel de bioseguridad bajo. Tomados en conjunto, los resultados indican la elevada vulnerabilidad de la producción argentina para la entrada de un agente exótico. A efectos prácticos, puede considerarse que la única barrera existente en este momento es el control fronterizo. Si ingresara un agente de relativa fácil diseminación la casi totalidad de la industria porcina argentina se vería afectada. Aquí cabe pues proponer la necesidad de un análisis de riesgo para la introducción de los patógenos que más probablemente pudieran llegar a la Argentina y reforzar los sistemas de vigilancia epidemiológica para detectar la entrada del patógeno en el menor tiempo posible.

El análisis de los datos tanto de la bioseguridad como de los movimientos nos sirven como una base sólida para orientar futuros esfuerzos públicos y privados hacia la mejora de la bioseguridad y el registro y trazabilidad de los movimientos de los cerdos, así como para trazar una política de vigilancia y mejora de la bioseguridad dirigida a aquellas granjas que poseen un rol más crítico en la red nacional.

Por otra parte, deben aclararse los motivos por los que la aplicación de las medidas de bioseguridad externa e interna es tan escasa. Debería hacerse hincapié tanto en las campañas educativas como en

intentar mejorar la comprensión de las características sociológicas de este fenómeno para elaborar adecuados planes de formación y estrategias de motivación (Alarcón *et al.*, 2013, Simón-Grifé *et al.*, 2013).

Con respecto a los movimientos de los cerdos se debería continuar el estudio con la exploración de los contactos indirectos, es decir, las diferentes conexiones epidemiológicas de las granjas, así como el estudio de la diseminación de la enfermedad de Aujeszky en el país mediante el movimiento de animales, ya que existe un plan de control y erradicación con análisis serológicos constantes sobre las granjas de genética y comerciales.

En resumen, los resultados de la presente tesis pueden contribuir en primer lugar a una mejor comprensión de los posibles escenarios de la diseminación de enfermedades en la producción porcina argentina y, en segundo lugar, a establecer una priorización de los recursos y acciones destinadas a la vigilancia y prevención de entrada de enfermedades.

## Referencias:

1. Alarcón P, Wieland B, Mateus ALP, Dewberry C. 2013. Pig farmers' perceptions, attitudes, influences and management of information in the decision-making process for disease control. *Prev. Vet Med*, **116**: 223-242.
2. Carpinetti B., Castresana G., Rojas P., Grant J., Marcos A., Monterubbianesi M., Sanguinetti HR, Serena M.S., Echeverría M.G., Garciarena M., Aleksa A. 2017. Determinación de anticuerpos contra patógenos virales y bacterianos seleccionados en la población de cerdos silvestres (*Sus scrofa*) de la Reserva Natural Bahía Samborombón, Argentina. *Analecta Vet*, **37**: 21 – 27.
3. Dubé, C., C. Ribble, D. Kelton & B. McNab. 2009. A review of network analysis terminology and its application to foot-and mouth disease modelling and policy development. *Transbound. Emerg. Dis.* **56**: 73–85.
4. Fèvre E, Bronsvoort B, Hamilton K, Cleaveland S. 2006. Animal movements and the spread of infectious diseases. *Trends Microbiol*, **14**: 125–131.
5. Gilbert M, Mitchell A, Bourn J, Mawdsley R, Clifton-Hadley R, Wint W. 2005. Cattle movements and bovine tuberculosis in Great Britain. *Nature*, **435**:491-496.
6. Monterubbianesi M., Vidal M., Debenedetti R., Suárez M., Barral L., Duffy, S. 2016. Serological Surveillance of the Porcine Reproductive Respiratory Syndrome in the Argentine (2010-2015). En: Memorias, XIII Congreso Nacional de Producción Porcina. Memorias XIX Jornadas de Actualización Porcina. VIII Congreso de Producción Porcina del Mercosur. 149 pp.
7. Monterubbianesi M. 2016. Avances en el Programa Nacional de Control de la enfermedad de Aujeszky de la República Argentina. En: Memorias, XIII Congreso Nacional de Producción Porcina. Memorias XIX Jornadas de Actualización Porcina. VIII Congreso de Producción Porcina del Mercosur. 51 pp.

8. Simón-Grifé M, Martín-Valls GE, Vilar-Ares MJ, García-Bocanegra I, Martín M, Mateu E, Casal J. 2013. Biosecurity practices in Spanish pig herds: perceptions of farmers and veterinarians of the most important biosecurity measures. *Prev Vet Med*, **110**: 223-31.

### **Referencias Web:**

1. Secretaría de Ganadería, agricultura y pesca, Ministerio de Agroindustria: <http://www.senasa.gob.ar/cadena-animal/porcinos/informacion/informesyestadisticas>.
2. Organización mundial de la Sanidad Animal: [http://www.oie.int/wahis\\_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation](http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Countryinformation/Animalsituation).
3. Secretaría de Ganadería, agricultura y pesca, Ministerio de Agroindustria. 2017. Anuario Porcino: <https://www.agroindustria.gob.ar/.../porcinos/...Anuario/170000-Anuario%202017.pdf>



## **Conclusiones**





1. Las granjas argentinas de producción industrial de cerdos se pueden clasificar en tres grupos en función de sus niveles de bioseguridad, tanto en granjas de genética como en granjas de producción, no siendo mejor en un tipo de granjas que en otro. Este hecho revela que en la Argentina, la aplicación de medidas de mitigación del riesgo no guarda relación con la importancia o la posición de la granja en el sistema productivo.
2. La elevada proporción de granjas de venta de genética con pobres niveles de bioseguridad externa es un riesgo para la sanidad de la cabaña porcina argentina e indica la necesidad de establecer acciones de mejora dirigidas específicamente a este tipo de granjas.
3. La bioseguridad interna es manifiestamente deficiente en la mayoría de granjas examinadas, lo que sugiere que el ingreso de cualquier patógeno en una granja tendrá como resultado una elevada difusión en el rebaño.
4. En base al análisis de la bioseguridad, el riesgo de introducción de un patógeno entérico como el virus de la diarrea epidémica porcina es muy elevado si éste llegase a ingresar ya que casi la totalidad de las granjas de la Argentina estarían expuestas a esta contingencia.
5. Los resultados del análisis de la red de movimientos indica que la conexión de las granjas argentinas es estrecha y que con pocos movimientos se conecta toda la red. En estas circunstancias, ante el ingreso de una enfermedad transmisible ésta se diseminaría rápidamente por todo el país. Esto resalta la necesidad de impulsar los sistemas de vigilancia y alerta temprana.
6. El análisis de la red de movimientos ha permitido la identificación de varias granjas que durante todos los años examinados han actuado como potenciales super-diseminadoras. Cuando se confrontaron los datos de bioseguridad para estas granjas, se observó que en muchas de ellas el estándar de bioseguridad era muy bajo. Estas granjas deberían priorizarse en los programas de vigilancia epidemiológica y de mejora de la bioseguridad.



## **Recomendaciones para el Servicio Nacional de Sanidad Animal de la Argentina**

1. El nivel de bioseguridad de las explotaciones en Argentina es muy variable y en general hay mucho margen de mejora. Las medidas con mayor margen de mejora son las relacionadas con el ingreso de animales, de personas y vehículos que trasladan reproductores y alimento.
2. Sería recomendable desarrollar estrategias para mejorar la aplicación de bioseguridad incluyendo campañas de concienciación, educación y formación. Dichas estrategias deberían enfocarse a la mejora de los aspectos más deficientes y podrían desarrollarse en diferentes fases y con diferentes niveles de profundidad para las granjas de genética, comerciales, ferias e invernaderos.
3. El análisis de la red de movimientos ha permitido identificar granjas con un elevado potencial para la dispersión de enfermedades por el movimiento de animales (super-diseminadores). Si una enfermedad exótica entrara en el sistema productivo argentino y alcanzara a alguna de estas granjas, la diseminación de la enfermedad sería prácticamente imparable. Algunas de estas granjas super-diseminadoras se identificaron como de bajo nivel de bioseguridad. Es imperativo el desarrollo de un programa de mejora de la bioseguridad de estas granjas, así como focalizar en ellas programas de vigilancia activa y realizar acciones destinadas a mejorar el conocimiento de las medidas de bioseguridad, su importancia y cómo aplicarlas. Asimismo, a partir de estos datos debería elaborarse un plan de contingencia con respecto a la restricción de movimientos en caso de emergencia sanitaria.
4. Se debería de mejorar el Sistema de registros de los movimientos en las granjas que retiran animales de las ferias, ya que actualmente no "cierran el DT-e" es decir, no dejan constancia que se produjo el movimiento.
5. El análisis de movimientos de animales ha evidenciado que la entrada de una enfermedad exótica al país se diseminaría rápidamente entre las granjas. Sería muy conveniente combinar las acciones anteriores con un análisis del riesgo de introducción en la Argentina de patógenos importantes así como establecer diferentes escenarios de vigilancia y actuación y reforzar los sistemas de vigilancia pasiva de detección de enfermedades exóticas a la Argentina (basados en el reconocimiento de los signos clínicos) para minimizar así el tiempo de detección y el número de granjas afectadas.



## **Anexos**



**Anexo A:**  
**Información suplementaria del estudio 1**





**Table Supplementary 1:** Categories, sub-categories and number of questions in each category included in the questionnaire used to collect data from the farms studied.

Categories		Subcategories	Number of questions
Biosecurity	External	Replacement animals	19
		Semen	3
		Vehicles	28
		Visitors and employees	16
		Location	7
	Internal	Management	21
		Facilities and cleaning	11
		Personnel	10

**Table Supplementary 2a:** Frequency of external and internal biosecurity categorical variables, for both the genetic and commercial farms analysed.

Biosecurity Measures	N°	Genetic Farms Frequency (%)	N°	Commercial Farms Frequency (%)	Included in the farm typology analysis
<b><u>Type of replacement of animals:</u></b>					
External replacement	19	17,27	77	40,10	No
self-replacement	32	29,09	32	16,67	
Mixed (external + self-replacement)	59	53,64	79	41,15	
Unanswered		0,00	4	2,08	
<b>Numbers of origin animals (cores or multipliers)</b>					
<b>0</b>	2	2,60	3	1,92	Yes
<b>1</b>	36	46,75	83	53,21	
<b>≥ 2</b>	36	46,75	49	31,41	
Unanswered	3	3,90	21	13,46	
<b>Frequency of replacement entries (weeks) in the last year</b>					
<b>0</b>	6	7,79	0	0	Yes
<b>&lt; 13</b>	35	45,45	93	59,62	
<b>≥ 13</b>	35	45,45	46	29,49	
Unanswered	1	1,30	17	10,90	
<b><u>Replacement animal is located at (quarantine):</u></b>					
Outside, < 1000 meters	4	5,5	23	14,74	Yes
Outside, > 1000 meters	4	5,5	1	0,64	
Isolated Inside the perimeter of the farm	31	42,5	53	33,97	
Not Isolated	38	52,1	76	48,72	
Other places	0	0,0	2	1,28	
Unknown	0	0,0	1	0,64	
<b>Quarantine duration</b>					Yes

> 6 weeks	9	23,08	27	35,06	
< 6 weeks	29	74,36	48	62,34	
Unanswered	1	2,56	2	2,60	
<b>The replacement animal is examined when entering</b>					
Yes	16	20,51	12	7,69	Yes
No	62	79,49	143	91,67	
Unknown	0	0,00	1	0,64	
<b>If you analyze how many days after the entry</b>					
Unanswered	2	2,56			No
<b>Make a plan to adapt to income</b>					
Yes	61	78,21	141	90,38	Yes
No	17	21,79	12	7,69	
Unknown	0	0,00	3	1,92	
<b>Make a plan to adapt to income: Vaccines</b>					
No	19	24,36	30	19,23	No
Yes	57	73,08	126	80,77	
Unanswered	2	2,56	0	0	
<b>Make a plan to adapt to income: Feedback with manure</b>					
No	62	79,49	131	83,97	
Yes	14	17,95	25	16,03	No
Unanswered	2	2,56	0	0	
<b>Make a plan to adapt to income: Feedback with Intestine of piglets</b>					
No	70	89,74	150	96,15	No
Yes	6	7,69	6	3,85	
Unanswered	2	2,56	0	0	
<b>Make a plan to adapt to income: Contact with old sows</b>					
No	55	70,51	105	67,31	No
Yes	21	26,92	51	32,69	
Unanswered	2	2,56	0	0	

<b>The vehicle used to bring the replacement animals from quarantine to the farm belongs to:</b>					
the farm	23	56,10	54	70,13	No
an external company	2	4,88	1	1,30	
Transportation is walking	8	19,51			
Unanswered	8	19,51	22	28,57	
<b>The vehicle used to bring the replacement animals is used only for quarantine</b>					
Yes	6	24,00	21	27,27	No
No	16	64,00	31	40,26	
Unanswered	3	12,00	25	32,47	
<b>The vehicle used for quarantine is cleaned and disinfected after each loading and unloading</b>					
Yes	19	76,00	52	67,53	No
No	4	16,00	4	5,19	
Unanswered	3	12,00	21	27,27	
<b>The vehicle used for quarantine is cleaned by scraping organic matter</b>					
Yes	7	28,00	11	19,64	No
No	18	72,00	45	80,36	
<b>The vehicle used for quarantine is cleaned with water and detergent</b>					
Yes	20	80,00	25	44,64	No
No	5	20,00	26	46,43	
<b>The vehicle used for quarantine is expected to dry and disinfect</b>					
Yes	7	28,00	25	44,64	No
No	18	72,00	31	55,36	
<b>Employees working in the quarantine room also work in other production phases</b>					
Yes	19	46,34	58	75,32	No
No	16	39,02	11	14,29	
Unanswered	6	14,63	8	10,39	
<b>The quarantine room has its own clothing and boots</b>					No

Yes	7	17,07	17	22,08	
No	27	65,85	54	70,13	
Unanswered	7	17,07	6	7,79	
<b>The quarantine room has its own materials</b>					
Yes	20	48,78	48	62,34	No
No	13	31,71	22	28,57	
Unanswered	8	19,51	7	9,09	
<b>All in-All out system in adaptation / quarantine</b>					
No	17	41,46	38	49,35	No
Yes	11	26,83	31	40,26	
Unanswered	8	19,51	8	10,39	
<b>Every few replacement animals will change the needle</b>					
Unanswered	15	19,23			No
<b><u>Semen</u></b>					
Own origin	83	75,45	125	65,10	Yes
External origin	13	11,82	42	21,88	
Mixed (external + own origin)	14	12,73	20	10,42	
Unanswered			5	2,60	
<b>Number of semen origins</b>					
1	20	74,07	34	50,75	No
2, 4 and 5	3	11,11	22	32,84	
Unanswered	4	14,81	10	14,93	
<b>The health status of semen origin is known</b>					
Yes	19	70,37	48	71,64	No
No	4	14,81	8	11,94	
Unanswered	4	14,81	10	14,93	
<b>There is a sanitary ford</b>					
Yes	26	21,14	29	15,10	Yes
No	84	68,29	160	83,33	

Unanswered	0	0,00	3	1,56	
<b>The sanitary ford is used</b>					
Yes	24	92,31	15	51,72	No
No	2	7,69	14	48,28	
<b>There is a disinfection arch</b>					
Yes	18	16,36	15	7,81	Yes
No	92	83,64	174	90,63	
Unanswered	0	0,00	3	1,56	
<b>There is a discharge dock for each production phase</b>					
Yes	48	43,64			Yes
No	62	56,36			
<b>There is a parking area outside</b>					
Yes	71	64,55	120	62,5	No
No	39	35,45	67	34,90	
Unanswered	0	0,00	5	2,60	
<b>Number of visitors (per week)</b>					
≤ 1	34	30,91	82	42,71	
1	21	19,09	36	18,75	Yes
2 or more	48	43,64	47	24,48	
Unanswered	7	6,36	27	14,06	
<b>The vehicle that transports animals to the slaughterhouse belongs to</b>					
the farm	37	33,64	50	26,04	
an external company	45	40,91	141	73,44	Yes
Unanswered	2	1,82	1	0,52	
<b>The truck goes to other farms on the same day</b>					
Yes	22	20,00	42	21,88	
No	80	72,73	108	56,25	Yes
Unknown	6	5,45	40	20,83	
Unanswered	2	1,82	2	1,04	

<b>The truck arrives at the farm with animals</b>					
Yes	13	11,82	27	14,06	
No	95	86,36	153	79,69	Yes
Unknown	0	0,00	8	4,17	
Unanswered	2	1,82	4	2,08	
<b>The truck is disinfected after each loading / unloading of animals</b>					
Yes	81	73,64	123	64,06	
No	17	15,45	25	13,02	Yes
Unknown	10	9,09	36	18,75	
Unanswered	2	1,82	8	4,17	
<b>The truck is disinfected after taking animals to the slaughterhouse</b>					
Yes	85	77,27	123	64,06	
No	10	9,09	10	5,21	Yes
Unknown	13	11,82	54	28,13	
Unanswered	2	1,82	5	2,60	
<b>The truck enters the perimeter of the farm</b>					
Yes	77	70,00	141	73,44	
No	30	27,27	46	23,96	Yes
Unknown	0	0,00	2	1,04	
Unanswered	3	2,73	3	1,56	
<b>The dock has an enclosed clean / dirty area</b>					
Yes	24	21,82	66	34,38	
No	68	61,82	111	57,81	Yes
Unknown	16	14,55	12	6,25	
Unanswered	2	1,82	3	1,56	
<b>The driver can enter the shed</b>					
Yes	23	20,91	14	7,29	
No	81	73,64	176	91,67	Yes
Unknown	3	2,73	0	0,00	



Unanswered	3	2,73	2	1,04	
<b>The vehicle that brings the replacement animals (genetic truck) belongs to</b>					
the farm	28	35,90	16	10,26	Yes
the company	18	23,08	99	63,46	
an external company	32	41,03	36	23,08	
Unanswered	0	0,00	5	3,21	
<b>The genetic truck goes to other farms on the same day</b>					
Yes	36	46,15	79	50,64	Yes
No	40	51,28	39	25,00	
Unknown	2	2,56	32	20,51	
Unanswered	0	0,00	6	3,85	
<b>The genetic truck arrives at the farm with animals</b>					
Yes	30	38,46	49	31,41	Yes
No	46	58,97	84	53,85	
Unknown	2	2,56	17	10,90	
Unanswered	0	0,00	0	0	
<b>The genetic truck is disinfected after each loading / unloading of animals</b>					
Yes	56	71,79	47	30,13	Yes
No	11	14,10	34	21,79	
Unknown	11	14,10	65	41,67	
Unanswered			10	6,41	
<b>Checks for cleaning and disinfection of the genetic truck upon arrival</b>					
Yes	49	62,82			Yes
No	16	20,51			
Unknown	13	16,67			
<b>The genetic truck enters the perimeter of the farm</b>					
Yes	49	62,82	61	39,10	Yes
No	29	37,18	87	55,77	
Unknown	0	0,00	1	0,64	

Unanswered	0	0,00	7	4,49	
<b>The dock has an enclosed clean / dirty area</b>					
Yes	15	19,23	41	26,28	
No	40	51,28	78	50,00	Yes
There in nodock	23	29,49	29	18,59	
Unanswered	0	0,00	8	5,13	
<b>The driver of the genetic truck can enter the shed</b>					
Yes	22	28,21	51	32,69	Yes
No	55	70,51	104	66,67	
Unknow	1	1,28	1	0,64	
<b>The vehicle carrying the food enters the perimeter of the farm</b>					
Yes	73	93,59	125	65,10	Yes
No	36	46,15	64	33,33	
Unanswered	1	1,28	3	1,56	
<b>Treatment of cadavers</b>					
Well	55	50,00	107	55,73	Yes
Cement pit	4	3,64	8	4,17	No
incineration	14	12,73	31	16,15	Yes
Composting	20	18,18	32	16,7	Yes
well + incineration	1	0,91	6	3,1	
Composting + incineration	2	0,91	1	0,5	
Composting + well	1	0,91	2	1,04	
Cement pit + Composting	0	0,91	2	1,04	
None	0	0,91	3	1,5625	
<b>How far is the nearest shed</b>					
Unanswered	3	2,73			No
<b>There is a written policy restricting the entry of persons</b>					
Yes	19	17,27	64	33,3	Yes
No	91	82,73	128	66,7	

<b>The accesses to the farm are always closed</b>					
Yes	85	77,27	131	68,2	Yes
No	25	22,73	61	31,8	
<b>There is a record of visits</b>					
Yes	30	27,27	28	14,6	Yes
No	80	72,73	164	85,4	
<b>There is an office</b>					
Yes	54	49,09	117	60,9	Yes
No	56	50,91	75	39,1	
<b>There is a doorbell</b>					
Yes	19	17,27			Yes
No	91	82,73			
<b>There is a sign with instructions</b>					
Yes	28	25,45	56	29,2	Yes
No	82	74,55	134	69,8	
Unanswered	0	0,00	2	1,0	
<b>The vistis use of boots of the own farm</b>					
Yes	69	62,73	143	74,5	Yes
No	41	37,27	46	24,0	
Unanswered			3	1,6	
<b>the vistis use of clothes of the own farm</b>					
Yes	50	45,45	116	60,4	Yes
No	60	54,55	73	38,0	
Unanswered	0	0,00	3	1,6	
<b>There is a dressing room</b>					
Yes	52	47,27	109	56,8	Yes
No	58	52,73	82	42,7	
Unanswered	0	0,00	1	0,5	
<b>There are a showers for daily use</b>					Yes

Yes	42	38,18	77	40,104	
No	68	61,82	114	59,375	
Unanswered	0	0,00	1	0,521	
<b>A shower is required before entering</b>					
Yes	34	30,91	40	20,8	Yes
No	76	69,09	149	77,6	
Unanswered	0	0,00	3	1,6	
<b>The dressing room is separate between the dirty and clean area</b>					
Yes	33	30,00	54	49,5	Yes
No	77	70,00	52	47,7	
Unanswered			3	2,8	
<b>Washing hands is required before entering</b>					
Yes	33	30,00	113	58,85	Yes
No	77	70,00	75	39,06	
Unanswered	0	0,00	4	2,08	
<b>The material used belongs to the farm</b>					
Yes	85	77,27	164	85,42	Yes
No	24	21,82	27	14,06	
Unanswered	1	0,91	1	0,52	
<b>In the case of maintenance operations, it is verified that the tools have been disinfected and not used on another farm</b>					
Yes	63	57,27	111	57,81	Yes
No	47	42,73	88	45,83	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>All materials that enter the farm are disinfected</b>					
Yes	51	46,36	90	46,88	Yes
No	58	52,73	100	52,08	
Unanswered	1	0,91	2	1,04	
<b>Number of workers</b>					No

<b>Farm workers have contact with pigs of other farms</b>					
Yes	2	1,82	5	2,60	No
No	108	98,18	186	96,88	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>Farm workers live together with employees of other farms</b>					
Yes	5	4,55	3	1,56	No
No	105	95,45	188	97,92	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>Farm workers shower on entering</b>					
Yes	34	30,91	48	25,00	Yes
No	76	69,09	143	74,48	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>Farm workers change clothes and footwear completely when entering</b>					
Yes	66	60,00	130	67,71	Yes
No	44	40,00	61	31,77	
Unanswered			1	0,52	
<b>It is required for farm workers to wash their hands when entering (they change gloves) as they enter and leave each stage of production</b>					
Yes	25	22,73	55	28,65	Yes
No	85	77,27	136	70,83	
Unanswered			1	0,52	
<b>It is required that farm workers change their boots in and out of each stage of production</b>					
Yes	19	17,27	37	19,27	Yes
No	91	82,73	154	80,21	
Unanswered			1	0,52	
<b>There is a routine in the circulation of personnel between the different stages of production</b>					
Yes	33	30,00	72	37,50	Yes
No	77	70,00	119	61,98	

Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>New employees receive biosafety training</b>					
Yes	51	46,36	128	66,67	No
No	59	53,64	63	32,81	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>There is a continuous training plan for employees of the farm on biosafety</b>					
Yes	30	27,27	64	33,33	No
No	80	72,73	127	66,15	
Unanswered	0	0,00	1	0,52	
<b>There is a fence or barrier that physically separates the perimeter of the farm</b>					
Yes	73	66,36	144	75,00	Yes
No	37	33,64	47	24,48	
Unanswered			1	0,52	
<b>A systematic rodent control program is followed</b>					
Yes	100	90,91	172	89,58	Yes
No	10	9,09	19	9,90	
Unanswered			1	0,52	
<b>Systematic rodent control: with a specialized company</b>					
Yes	38	34,55	62	36,05	No
No	72	65,45	110	63,95	
<b>There are nets or meshes in the windows to prevent the entry of birds</b>					
Yes	48	43,64	121	63,02	Yes
No	62	56,36	67	34,90	
Unanswered			4	2,08	
<b>A systematic disinfestation program is followed</b>					
Yes	70	63,64	124	64,58	Yes
No	40	36,36	64	33,33	
Unanswered			4	2,08	
<b>Systematic disinfestation: with a specialized company</b>					
					No

Yes	15	13,64	21	16,94	
No	94	85,45	103	83,06	
Unanswered	1	0,91	0	0	
<b>The farm operates organized into groups of inseminate sows</b>					
Yes	76	69,09	180	93,75	Yes
No	34	30,91	11	5,73	
Unanswered			1	0,52	
<b>The farm operates organized into groups of Inseminate sows. How many?</b>					
Unanswered	1	1,32			No
<b>Duration of lactation</b>					
Unanswered	2	1,82			No
<b>There is a policy of adoption or movement of piglets</b>					
Yes	69	62,73	173	90,10	Yes
No	41	37,27	16	8,33	
Unanswered	0	0,00	3	1,56	
<b>Piglets are moved from one pen to another</b>					
Duringteh first 24 hours	44	63,77	100	57,80	Yes
During the first 48 hours	22	31,88	51	29,48	
Anytime	3	4,35	21	12,14	
Unanswered	0	0,00	1	0,58	
<b>Sows adoptions are</b>					
From young to old	5	7,25	19	10,98	No
From old to young	1	1,45	20	11,56	
Both types	63	91,30	134	77,46	
<b>Which piglets are moved</b>					
the small ones	18	26,09	46	26,59	No
the large ones	10	13,70	28	16,18	
indistinctly	41	56,16	99	57,23	
<b>There is a policy of elimination of weak piglets</b>					
					No

Yes	16	14,55	30	15,6	
No	77	70,00	160	83,3	
Unanswered	17	15,45	2	1,0	
<b>Every animal changes the needle</b>					
Unanswered	42	38,18			No
<b>Strict compliance with the All in-All out system in maternity</b>					
Yes	57	51,82	137	71,4	
No	27	24,55	28	14,6	Yes
I do not apply the All in-All out system	14	12,73	23	12,0	
Unanswered	12	10,91	4	2,1	
<b>Diseased animals room are inside with other animals</b>					
Yes	29	26,36	71	37,0	
No	56	50,91	113	58,9	No
Unanswered	25	22,73	8	4,2	
<b>If it are in a separate illness room, what is the distance to the nearest shed</b>					
Unanswered	4	3,64			No
<b>When the animals recover, they return with the animals of the same batch</b>					
Yes	34	30,91	21	29,6	
No	64	58,18	44	62,0	No
Unanswered	12	10,91	6	8,5	
<b>There is a policy of elimination of animals that are delayed or that do not evolve positively</b>					
Yes	61	49,59	77	40,1	Yes
No	43	34,96	104	54,2	
Unanswered	6	4,88	11	5,7	
<b><u>Weaning</u></b>					
<b>Animals from different batches are mixed</b>					
Yes	42	38,18	126	65,6	Yes
No	68	61,82	1	0,5	



<b>Every animal changes the needle</b>					No
Unanswered	13	11,82			
<b>Strict compliance with the All in-All out system</b>					
Yes	62	56,36	146	76,0	Yes
No	47	42,73	41	21,4	
Unanswered	1	0,91	5	2,6	
<b>Uses Circovirus vaccine</b>					
Yes	84	76,36	167	87,0	Yes
No	26	23,64	25	13,0	
<b>Uses Mycoplasma vaccine</b>					
Yes	85	77,27	171	89,1	Yes
No	25	22,73	21	10,9	
<b><u>Fattening:</u></b>					
<b>Animals from different batches are mixed</b>					
Yes	51	47,22	76	40,2	Yes
No	58	53,70	106	56,1	
Unanswered	1	0,93	7	3,7	
<b>Strict compliance with the All in-All out system</b>					
Yes	49	45,37	101	53,4	Yes
No	58	53,70	77	40,7	
Unanswered	1	2,73	11	5,8	
<b>Conducts effluent treatment</b>					
Yes	56	50,91	127	66,15	Yes
No	54	49,09	63	32,81	
Unanswered			2	1,04	
<b>The drainage channels are higher than the effluent tank</b>					
Yes	71	64,55	104	54,2	No
No	36	32,73	86	44,8	
Unanswered	3	2,73	2	1,0	

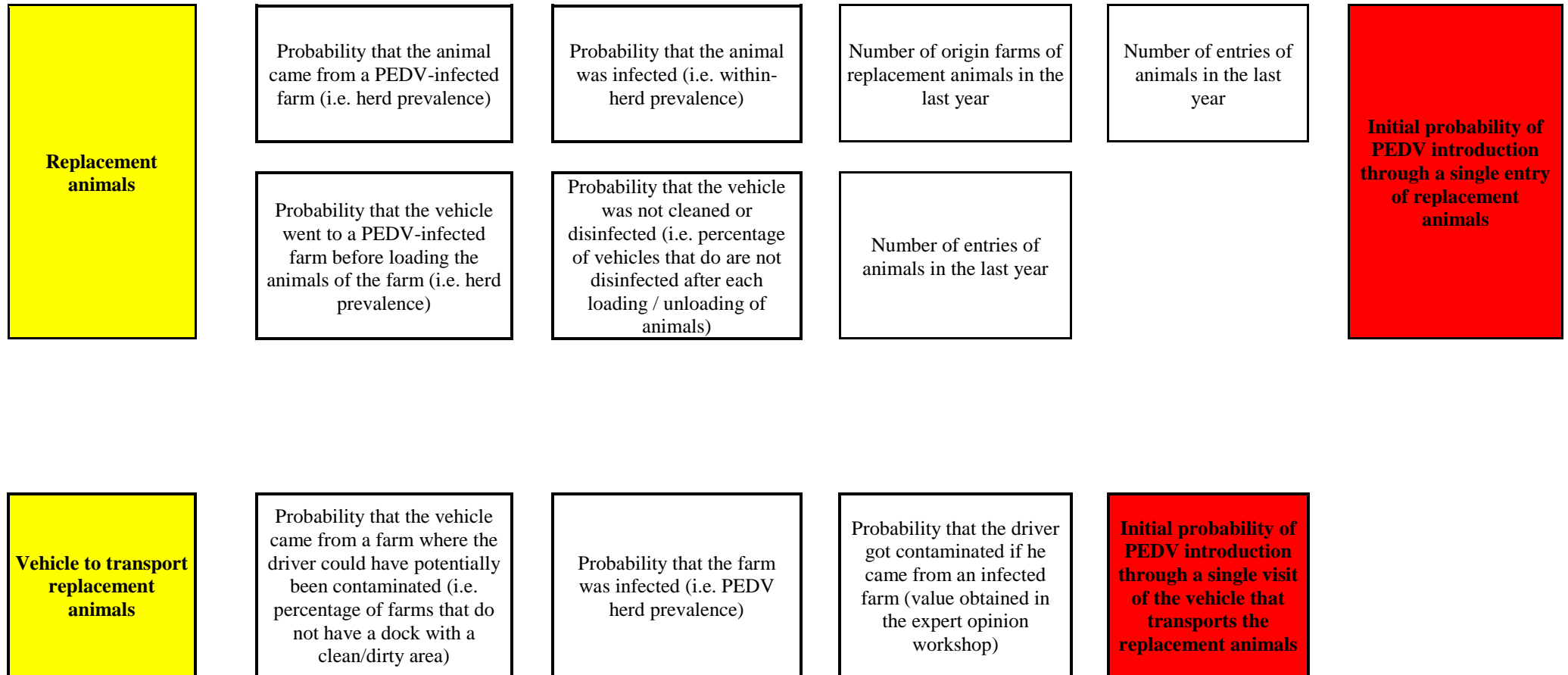
<b>The effluent tank is located outside the perimeter of the farm</b>					
Yes	48	43,64			Yes
No	60	54,55			
Unanswered	2	1,82			
<b>Drinking water for animals is potabilized</b>					
Yes	17	15,45	19	9,9	Yes
No	93	84,55	165	85,9	
Unanswered	0	0,00	8	4,2	
<b>The water is treated with</b>					
Chlorine	10	9,09	10	5,2	
Inverse osmosis	2	1,82	0	0,0	No
Copper sulphate	2	1,82	0	0,0	
Unanswered	3	2,73	9	4,7	
<b>Controls of drinking water are made</b>					
Yes	54	49,09	116	60,4	Yes
No	56	50,91	68	35,4	
Unanswered	0	0,00	8	4,2	
<b>System used to clean the pens</b>					
Hot Pressurized Water	4	3,64	10	5,2	Yes
Cold Pressurized Water	89	80,91	46	24,0	Yes
Brushed	31	28,18	32	16,7	Yes
<b>The pens are allowed to dry before disinfecting</b>					
Yes	73	66,36	163	84,90	Yes
No	37	33,64	21	10,94	
Unanswered	0	0,00	8	4,17	
<b>How much time you spend cleaning a maternity (hs)</b>					
Unanswered	8	7,27			No
<b>How much time you spend cleaning a weaning room (hs)</b>					
Unanswered	7	6,36			No

<b>How much time you spend cleaning a fattening (hs)</b>						
Unanswered		6	5,56		No	
<b>Some production phase shares the shed with animals of a different phase</b>						
Yes		10	9,09	21	10,9	No
No		100	90,91	161	83,9	
Unanswered		0	0,00	10	5,2	

**Table Supplementary 2b:** Frequency of external and internal biosecurity continuous variables, for both the genetic and commercial farms analysed.

Biosecurity Measures	Genetic Farms							Comercial Farms							Included in the farm typology analysis
	Mean	Min	Q1	Median	Q3	Max	Unanswered	Mean	Min	Q1	Median	Q3	Max	Unanswered	
Distance from inside quarantine to facility more close (meters)	3308	30	500	1750	5000	15000	0	87.68	10	30	50	100	500	24 (46.15%)	No
Distance from outside quarantine to facility more close (meters)	141.9	15	50	100	150	1000	0	707.92	40	70	150	500	6000	7 (26.92%)	No
How many days after entry the replacement animals are analyzed	13.05	0	1	1	7	120	2(2.56%)	8.33	0	1	1	10	30	4(25%)	No
Every few replacement animals will change the needle	5.77	1	1	5	10	20	15(19.23%)	18.8	1	5	10	20	100	2 (18.18%)	No
Fequency does the feed truck come (weeks)	2.37	0	1	2	3	15	4(3.64%)	2.62	0.5	1	2	4	8	61 (31.77%)	Yes
Distance between the cadavers treatment site and the facilities (meters)	551.29	0	100	200	500	12000	3(2.73%)	386.05	5	60	200	500	5000	21 (10.94%)	No
Number of workers	9.55	1	2	3	8	110	0	5.45	1	2	3	6	26	11 (5.73%)	No
Duration of lactation	27.72	19	21	28	30	60	2(1.82%)	23.82	21	21	21	28	45	3 (1.56%)	No
Maternity: every few piglets the needle is changed	46.49	1	10	12	30	1500	42(38.18%)	27.23	1	10	12	25	150	41 (21.35%)	No
Distance between the illness room and the facilities	36.39	0	20	30	50	150	4(3.64%)	40.63	1	10	20	50	300	56 (76.71%)	No
Weaning: every few piglets the needle is changed	40.35	1	10	15	40	1000	13(11.82%)	40.67	1	10	20	50	300	33 (17.18%)	No
How much time you spend cleaning a maternity (hs)	10.77	0	2	5	8	168	8(7.27%)	9.74	0	3	6	8	168	15 (7.81%)	No
How much time you spend cleaning a weaning room (hs)	10.98	0	2	4	8	168	7(6.36%)	10.06	0	2	5	8	168	17 (8.85%)	No
How much time you spend cleaning a fattening (hs)	12.37	0	1	3	12	168	6(5.45%)	10.6	0	2	5	12	72	18 (9.37%)	No
Distance to the nearest slaughterhouse	50.99	0	15	30	60	540	0	61.44	2	20	40	70	600	23 (11.98%)	No
Distance to the nearest route	5.05	0	1	2	7	38	0	13.09	0	1	4	10	350	18 (9.37%)	No

**Table Supplementary 3:** Parameters considered for the introduction of PEDV through different routes.



**Vehicles transporting animals to the slaughterhouse**

Probability that the vehicle visited a PEDV-infected farm before coming to the farm (i.e. herd prevalence)

Probability that PEDV-infected animals were transported to the slaughterhouse (i.e. within-herd prevalence)

Probability that the vehicle was not cleaned or disinfected after transporting the animals to the slaughterhouse (i.e. percentage of vehicles that are not disinfected after each loading / unloading of animals)

Probability that the driver of the vehicle got contaminated in a vehicle that was not cleaned or disinfected after transporting the animals to the slaughterhouse (value obtained in the expert opinion workshop)

**Initial probability of PEDV introduction through a single visit of a vehicle transporting animals to the slaughterhouse**

**Vehicles transporting feed**

Probability that the vehicle carrying the feed came from a farm where it entered the perimeter of the farm (i.e. percentage of farms where the vehicle carrying the feed enters the perimeter of the farm)

Probability that the farm was PEDV infected (i.e. between-herd prevalence)

Probability that the driver of the vehicle got contaminated in that farm (value obtained in the expert opinion workshop)

**Initial probability of PEDV introduction through a single visit of a vehicle transporting feed**

**Visits of people**

Probability that the visitor came from a PEDV-infected farm (i.e. between-herd prevalence)

Probability that the visit got contaminated in that farm (value obtained in the expert opinion workshop)

**Initial probability of PEDV introduction through the single visit of a person**

**Geographic risk  
(i.e. from a  
neighboring farm,  
slaughterhouse or  
road with transport  
of pigs)**

Presence or absence of pig farms in a 250-m radius (data obtained from the SENASA)

Probability that those farms are infected with PEDV (i.e. between-herd prevalence)

Probability of transmission given the presence of PEDV-infected farms in a 250-m radius (value obtained in the expert opinion workshop)

Presence or absence of pig farms in a 250- to 1000-m radius (data obtained from the SENASA)

Probability that those farms are infected with PEDV (i.e. herd prevalence)

Probability of transmission given the presence of PEDV-infected farms in a 1000-m radius (value obtained in the expert opinion workshop)

Presence or absence of a pig slaughterhouse in a 500-m radius (data obtained from the SENASA)

Probability that slaughtered animals came from a PEDV-infected farm (i.e. herd prevalence)

Probability that slaughtered animals were PEDV-infected (i.e. within-herd prevalence)

Probability of transmission given the presence of a pig slaughterhouse in a 1000-m radius (value obtained in the expert opinion workshop)

Presence or absence of a road with frequent transport of pigs in a 500-m radius (data obtained from the SENASA)

Probability that transported animals came from a PEDV-infected farm (i.e. herd prevalence)

Probability that transported animals were PEDV-infected (i.e. within-herd prevalence)

Probability of transmission given the presence of a road with frequent transport of pigs in a 1000-m radius (value obtained in the expert opinion workshop)

**Initial probability of  
PEDV introduction  
from the  
neighborhood**





**Table Supplementary 4:** Background, years of expertise, and main area of work of the selected experts.

	<b>Background</b>	<b>Main area of work</b>	<b>Years of expertise</b>
1	Veterinary clinician	All the country and bordering countries	More than 25
2	Veterinary clinician	All the country and bordering countries	More than 35
3	Veterinary clinician and production	All the country	More than 20
4	Veterinary consultants	Center of the country	More than 30
5	Employed by production companies	North of the country	More than 10
6	Employed by production companies	Center of the country	Between 5 and 10
7	Veterinary consultants	Center of the country	Between 10 and 15
8	Veterinary clinician	All the country	Between 10 and 15
9	Veterinary clinician	All the country	More than 10
10	Employed by production companies	Northeast of the country	More than 10
11	Researcher	Buenos Aires	More than 10
12	Researcher	Buenos Aires	More than 20
13	Veterinary clinician	Entre Ríos	More than 10
14	Veterinary clinician	All the country	More than 10
15	Veterinary clinician	Córdoba	Between 5 and 10
16	Veterinary clinician	Buenos Aires	More than 10
17	Veterinary clinician	All the country	More than 10
18	Veterinary clinician	All the country	More than 20



**Anexo B:**  
**Información suplementaria del estudio 2**



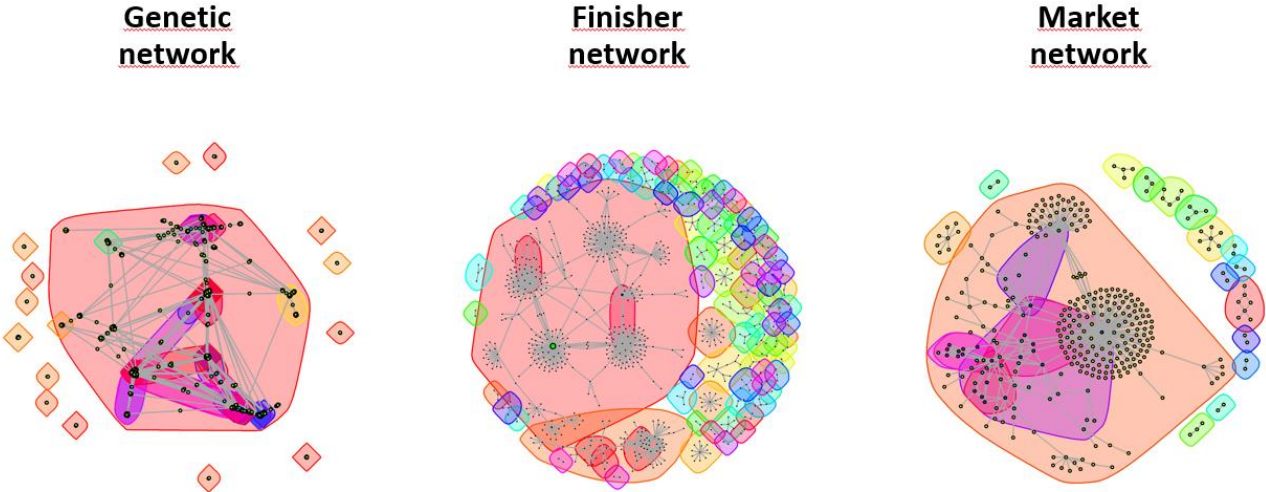
**Supplementary table 1.** Descriptive network analysis terminology in the context of animal movement (based on Newman *et al.*, 2006, Dubé *et al.*, 2009, Danon *et al.*, 2011).

<b>Name</b>	<b>Definition</b>
<b>Nodes</b>	The unit of interest in network analysis (farms, market, etc.)
<b>Edges</b>	A directed link between two nodes
<b>Density</b>	Proportion of actual links present in the network over all possible links
<b>Diameter</b>	Longest path between any pair of farms in the network
<b>Average path length</b>	The average number of links along the shortest or geodesic paths between all possible pairs of nodes
<b>Reciprocity</b>	Proportion of reciprocated links in the network
<b>Clustering coefficient</b>	If a neighbour is defined as the farm in direct contact with the operation of interest, the clustering coefficient represents the proportion of one's neighbours who are also neighbours of one another.
<b>Components</b>	Maximally connected subregions of a network in which all pairs of farms are directly or indirectly linked
<b>Giant Strong component</b>	The largest directed network in which all farms are mutually accessible by following the direction of links in the network
<b>Giant Weak component</b>	The largest undirected network in which all livestock operations are linked, not taking into account the direction of connections
<b>Community</b>	Is groups of nodes the have a high density of edges within them and a lower density of edges between groups
<b>Modularity</b>	The number of edges falling within groups minus the expected number in an equivalent network with edges placed at random.
<b>In-degree</b>	Number of individual sources providing animals to a specific livestock operation
<b>Out-degree</b>	Number of individual sources recipients obtaining animals from a specific livestock operation
<b>Betweenness</b>	The proportion of shortest paths that pass through a single node.

**Supplementary table 2.** Descriptive and cohesion measures of the genetic, finisher and market network (2014, 2015 and 2016).

	Genetic Networks			Finishers Networks			Market Networks		
	2014	2015	2016	2014	2015	2016	2014	2015	2016
<b>Number of nodes</b>	1637	1773	1599	1035	1005	874	357	369	370
<b>Number of edges</b>	4380	4764	4274	4544	3919	3628	1650	1752	1610
<b>Graph density</b>	0.0016	0.0016	0.0018	0.0042	0.0039	0.0049	0.0131	0.0129	0.0114
<b>Diameter</b>	8	6	5	2	3	3	1	2	2
<b>Average path length</b>	2.2182	2.1446	1.6933	1.2601	1.1977	1.1122	1	1.0195	1.0113
<b>Reciprocity</b>	0.0164	0.0176	0.0136	0.0009	0	0.0006	0	0.0011	0
<b>Clustering Coefficient (transitivity)</b>	0.0145	0.0087	0.0100	0.0018	0.0018	0.0036	0.0002	0	0.0001
<b>Communities (blocks)</b>	352	253	237	89	99	99	23	17	21
<b>Weakly connected components</b>	13	11	7	74	85	85	17	11	15
<b>Strongly connected components</b>	1626	1708	1537	1033	1005	857	356	368	376
<b>Modularity</b>	0.0028	0.0247	0.0183	0.3609	0.4646	0.6384	0.1255	0.0948	0.1854

**Supplementary figure 3.** Main blocks or community graphs of the genetic, finisher and market network. Colored polygons represent different blocks based on connectivity among nodes according the DrL algorithm.

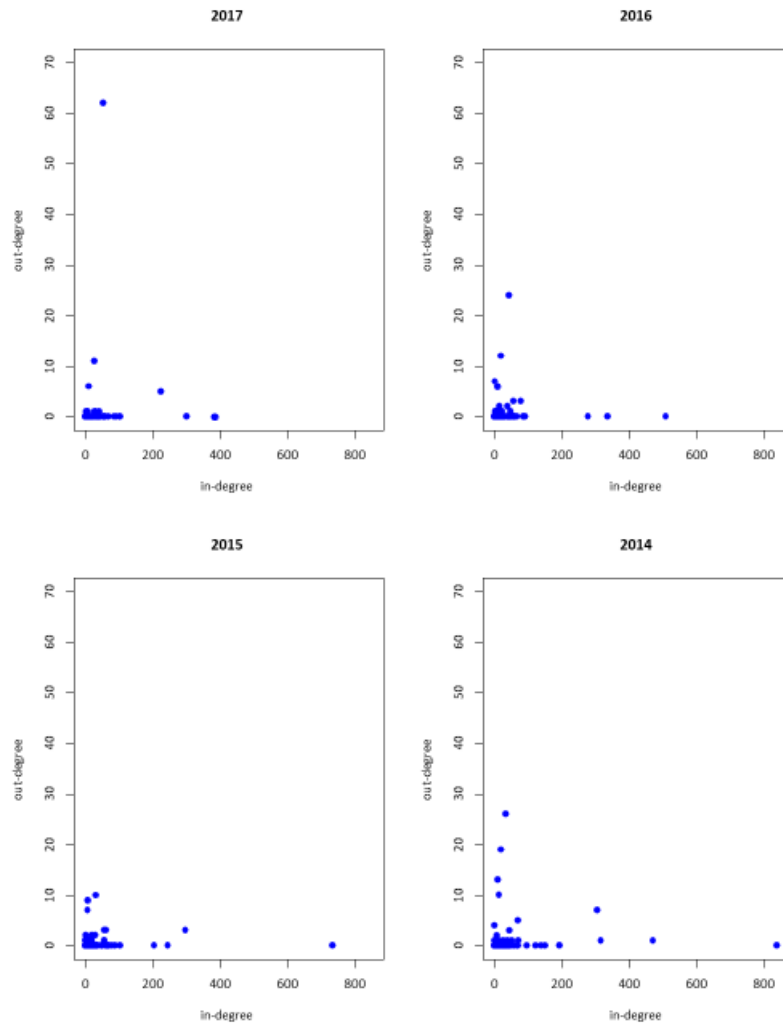


**Supplementary table 4.** Centrality measures for the genetic, finisher and market network (2014, 2015 and 2016).

	2014					2015					2016				
<b>Genetic Network</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>
Total degree	1/2	1/2039	2/3927	3/8180	433/936434	1/2	1/2381	2/4335	4/8642	462/1104539	1/28	1/2219	2/3939	4/8252	374/778364
In-degree	0/0	1/1810	2/3692	3/7160	55/125722	0/0	1/2082	2/4142	3/7920	83/209533	0/0	1/1968	2/3722	3/7049	63/136153
Out-degree	0/0	0/0	0/0	0/0	395/936434	0/0	0/0	0/0	0/0	415/989056	0	0	0	0	365/751238
Betweenness	0/0	0/0	0/0	0/0	999/0,3455	0/0	0/0	0/0	0/0	1113/0,3805	0	0	0	0	718/0,316
<b>Finisher Networks</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>
Total degree	1/11	1/2608	3/5823	6/14652	837/1763269	1/8	1/2161	2/4104	6/11026	733/1363466	1/5	1/2225	3/4752	6/10674	508/1162225
In-degree	0/0	0/0	0/0	0/0	837/1763269	0/0	0/0	0/0	0/0	733/1363466	0/0	0/0	0/0	0/0	508/1162225
Out-degree	0/0	1/791.5	2/3919	5/11029	125/273989	0/0	1/530	1/2974	4/7371	103/194179	0/0	1/190	1/2786	4/7000	106/203667
Betweenness	0	0	0	0	98/0.092	0/0	0/0	0/0	0/0	104/0.103	0/0	0/0	0/0	0/0	46/0.063
<b>Market Networks</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>	<b>Min</b>	<b>1Q</b>	<b>Median</b>	<b>3Q</b>	<b>Máx</b>
Total degree	1/40	1/1115	3/2468	8/6876	1239/993309	1/1	1/923	3/2466	8/7094	1345/1166523	1/1	1/914	3/1826	6/5089	1228/957726
In-degree	0/0	0/0	0/0	7/529.2	1239/993309	0/0	0/0	0/0	0/0	1345/1166523	0/0	0/0	0/0	1/1	1228/957726
Out-degree	0/0	0/0	1/1424	7/5678	44/35875	0/0	1/47	2/1448	6/5955	50/85997	0/0	0.75/1.5	1/1212	5/3948.5	42/66094
Betweenness	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	0/0	4/0.023	0/0	0/0	0/0	0/0	5/0.036



**Supplementary figure 5.** Scatterplot of the unweighted in-degree versus the unweighted out-degree for the finisher network; the year of each network is indicated above the plot. Spearman correlation coefficient (2014 to 2017): -0.64, -0.67, -0.69 and -0.72.



## **Anexo C:**

**Otras publicaciones y comunicaciones relacionadas con esta tesis**



Alarcón LV, Monterrubianesi M, Perelman S, Perfumo C, Sanguinetti R, Allepuz A, Mateu E. 2017. Tipologías de bioseguridad de los núcleos y multiplicadores genéticos de cerdos de la Argentina. Congreso de la Sociedad Iberoamericana de Epidemiología y Medicina Preventiva. 17 a 19 de octubre de 2017, Valdivia, Chile. Tipo de presentación: oral.

### **Resumen**

Las tipologías de bioseguridad de las 110 granjas de genética existentes en Argentina se determinaron a partir de los datos recogidos en un cuestionario con 115 preguntas mediante análisis de correspondencia y de conglomerados. Para evitar el sesgo derivado del hecho de que algunas granjas sólo usaban reposición externa y otras sólo reposición interna se realizó un primer análisis con las 110 granjas en su conjunto pero excluyendo las variables relacionadas con la reposición. Se identificaron tres conglomerados estadísticamente significativos; el primero comprendió 32 granjas (1200 cerdas en promedio) que se caracterizaban por una bioseguridad elevada, muelles de carga y descarga, vehículos específicos para reproductores que se limpian y desinfectan en cada uso, arco de desinfección y rodoluvio, prohibición del ingreso de vehículos al perímetro, registro de visitas, vestuario con ducha y ropa/calzado propio. El segundo grupo compuesto por 51 granjas (en promedio 200 cerdas) se caracterizó por recibir menos de 1 visita/semana y por aplicar vacunas contra *Mycoplasma hyopneumoniae*; y el tercer grupo, 27 granjas (de promedio 50 cerdas), realizaba la reposición una vez al año o más y poseía vehículos para el transporte de reproductores y cerdos. Resulta notable la relación entre el número de reproductoras en las granjas y su bioseguridad lo que probablemente refleja la mayor tecnificación de las granjas grandes. Por otra parte, los grupos 2 y 3 poseían escasas medidas de bioseguridad, siendo un riesgo a la introducción, persistencia y diseminación de agentes infecciosos.

Alarcón LV, Monterubbianesi M, Quiroga MA, Sanguinetti HR, Perfumo CJ, Mateu E y Allepuz A. 2017. Aplicación de una herramienta de análisis de riesgo para valorar la bioseguridad de los núcleos y multiplicadores genéticos de cerdos de la Argentina. Congreso de la Sociedad Iberoamericana de Epidemiología y Medicina Preventiva. 17 a 19 de octubre de 2017, Valdivia, Chile. Tipo de presentación: oral.

## **Resumen**

Para evaluar la bioseguridad externa de las 110 granjas de genética existentes en la Argentina y determinar aspectos mejorables, aplicamos la herramienta de análisis de riesgo propuesta por Allepuz *et al.* (2017) en un hipotético escenario de un brote de diarrea epidémica porcina (DEP). Para ello, partimos de las prevalencias reportadas en Beam *et al.* (2015) y consideramos seis posibles vías de entrada: i) cerdas de reposición; ii) vehículos de reposición; iii) vehículos de matadero; iv) vehículos del alimento; v) visitas de personas y vi) vecindad. El impacto de las medidas de bioseguridad en la reducción del riesgo y la probabilidad de transmisión tras un contacto se obtuvo en un taller con 18 veterinarios de cerdos que trabajan en el país, siguiendo las recomendaciones descritas en OIE (2014). Los resultados mostraron que hay un elevado margen de mejora en la bioseguridad de estas explotaciones. El porcentaje de mitigación del riesgo medio fue del 39% (rango: 5-80%) y las vías con mayor margen de mejora fueron la reposición, vehículos de reposición y del alimento y las visitas de personas. Para la mayoría de las granjas el riesgo de entrada de DEPV en la explotación fue alto, en especial a través del vehículo del alimento, la reposición y las visitas de personas. Este estudio también muestra que en el caso de ingreso de un patógeno entérico altamente difusible, las posibilidades de que ingresara en la mayoría de granjas sería elevado, de forma similar a lo ocurrido en Estados Unidos o Canadá.

Alarcón LV, Monterubbianesi M, Aspitia C, Perfumo CJ, Mateu E, Allepuz A. 2018. Application of a risk assessment tool to assess the external biosecurity of pig farms. 10<sup>th</sup> European Symposium of Porcine Health Management. Barcelona, 9 a 11 de mayo de 2018. Tipo de presentación: Poster

### **Abstract**

Currently, the generation of knowledge and implementation of biosecurity on farms is essential in pig production. The development of tools to identify where to focus efforts for improving biosecurity and objectively compare the level of biosecurity among farms is an important component.

The aim of this study was to evaluate the external biosecurity of pig farms in Argentina by adapting a previously developed tool (Allepuz *et al.* 2017). It was applied in the context of a hypothetical porcine epidemic diarrhea (PED) outbreak where PED herd prevalence was obtained from Beam *et al.* (2015). We considered six possible routes of disease introduction: i) replacement animals; ii) vehicles transporting replacement; iii) vehicles to the slaughter; iv) vehicles transporting feed; v) visits of people and vi) neighborhood (i.e. from farm, slaughterhouse, road). The importance of the different biosecurity measures aimed at reducing the probability of virus introduction and the probability of transmission given a certain contact were obtained in an expert opinion workshop with 18 veterinarians and researchers following the guidelines described in OIE (2014). Then, we estimated the percentage of risk reduction and the score of the probability of PEDV introduction by the different routes and the overall probability of introduction. The results showed that there is high room for improvement in the biosecurity of these farms. The percentage of risk reduction was 42% (range: 5-90%) and the routes with the greatest margin of improvement were replacement, replacement and food vehicles and visits. For most of the farms, the risk of PEDV introduction was high, especially through the food vehicle, the replacement animals and the visits. This study also showed that in the case of entry of a highly diffusible enteric pathogen, the chances of it entering most farms would be high, similar to what happened in the United States or Canada.

Alarcón L, Cipriotti P.A., Monterubbianesi M, Vidal P, Perfumo C., Mateu E, Allepuz A: 2018. Análisis de la red de movimientos de reproductores porcinos en la Argentina desde 2014 a 2017. XVI Congreso de Producción Porcina, 28, 29 y 30 de agosto de 2018, Córdoba Argentina. Tipo de presentación: poster.

## **INTRODUCCIÓN**

Actualmente la compra de cerdos reproductores de gran mérito genético es una condición obligatoria para lograr excelentes índices productivos. Pero al mismo tiempo, el movimiento de los reproductores es uno de los principales factores de riesgo en la introducción de nuevos patógenos en las granjas. El análisis de redes es una herramienta muy usada en epidemiología para explorar los movimientos de animales y su relación con la diseminación de enfermedades en tiempo y espacio (1). Mediante estos análisis se pueden obtener características de las granjas como su grado de conexión e intermediación, es decir, medidas de centralidad en la red. El objetivo de este estudio fue describir la red de movimientos de cerdos para reproducción desde el año 2014 a 2017 en toda la Argentina, e identificar las granjas con mayor conectividad en la red y por lo tanto con riesgo de diseminación y/o introducción de patógenos a lo largo de los años evaluados.

## **MATERIAL Y MÉTODOS**

Los movimientos de animales domésticos en la Argentina se registran mediante el Sistema Integrado de Gestión de Sanidad Animal (SIGSA) del SENASA que permite la emisión del Documento de Tránsito Electrónico (DTE). Mediante consultas al SIGSA, se obtuvieron los registros (DTE) del transporte de cerdos desde el año 2014 a 2017. Los movimientos incluidos para el análisis fueron aquellos que tenían como origen una granja con licencia para la venta de reproductores y destino otra granja, que transportó reproductores. Con los movimientos se construyó una red dirigida y ponderada por la cantidad total de reproductores movidos para cada año incluido en el estudio. Todas las granjas constituyeron los nodos o vértices de la red y las conexiones entre las mismas el transporte de reproductores. Para cada red calculamos el grado de intermediación (*betweenness*), que es una de las medidas claves de descripción de los nodos en el contexto de la red. Para su cálculo se consideró el total de reproductores en cada movimiento. Finalmente, se identificaron las granjas con valores de *betweenness* mayores a cero. Además, se exploró la presencia de comunidades de granjas con distinto grado de cohesión siguiendo el algoritmo de Moody & White (2003).

## RESULTADOS

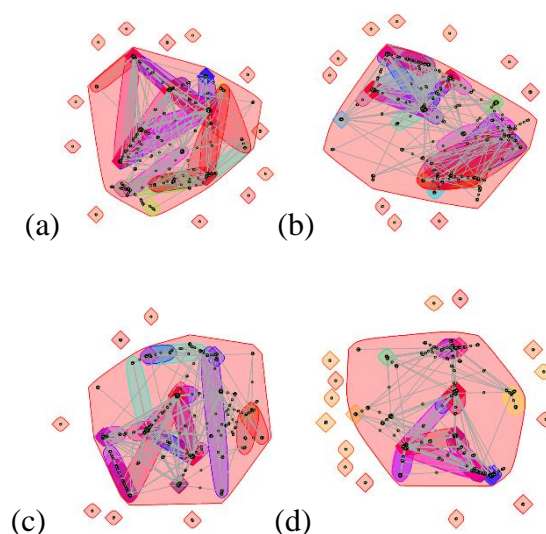
La Tabla 1 describe los movimientos de reproductores porcinos para cada año y las granjas involucradas:

**Tabla 1**

Año	Nº Movimientos	Nº granjas de origen	Nº granjas de destino	Nº Animales Totales	Nº Cerdas	Nº Padrillo	Nº Cerdas Nulparas	Nº Cachorros
2014	4380	95	1598	49470	12754	1536	32742	2438
2015	4764	94	1679	63817	12543	1799	47304	2171
2016	4274	91	1508	52383	9011	1548	40144	1680
2017	3417	83	1309	41562	4645	1062	34590	1265

Se detectaron un total entre 10-15 comunidades principales por red conformadas por más de 2 nodos y con alto grado de cohesión. Al mismo tiempo, existen comunidades muy pequeñas desconectadas de las principales, tal como se muestra en el Gráfico 1.

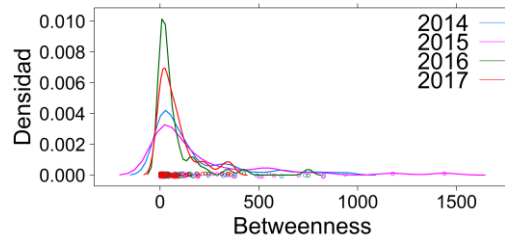
**Gráfico 1:** Comunidades de la red de movimientos de reproductores para los años: 2014 (a), 2015 (b), 2016 (c) y 2017 (d).



La distribución del grado de intermediación fue altamente asimétrica en todas las redes, con coeficientes de simetría entre 13 y 20 (normalidad=0). La cantidad de granjas con grados de intermediación superiores a cero fue entre 2,7-3,1% (40-52) del total de cada red. El gráfico 2 muestra la distribución de frecuencia para el grado de intermediación de estas granjas. Los máximos valores de *betweenness* de 2014 y 2015 casi duplicaron los correspondientes para 2016 y 2017.

**Gráfico 2:** Distribución de densidad para el grado de intermediación (*betweenness*) de las redes de movimientos de reproductores por año.





## DISCUSIÓN

A partir de la construcción y visualización de las redes, así como del cálculo del grado de intermediación, se pudieron identificar un subconjunto muy pequeño de granjas (40-52 por año); muy inter-conectadas y que mueven un gran número de reproductores y que representarían *a priori* las de mayor riesgo epidemiológico. Por lo tanto, estas granjas deberían ser las principales candidatas a incluir en los diseños de planes de vigilancia epidemiológica, así como poseer un mayor nivel de bioseguridad. El hallazgo de las estructuras espaciales de las comunidades con verdaderos circuitos de vinculación es de gran valor para el diseño de un plan de control de una posible epidemia en el país.

## BIBLIOGRAFÍA

1-Martinez-Lopez B y col. Social Network Analysis.Review of General Concepts and Use in Preventive Veterinary Medicine. Transboundary and emerging Diseases. 56 (2009) 109-120.

Alarcón LV, Cipriotti P, Monterubbianesi M, Perfumo, Mateu E, Allepuz A. 2019.

Network Analysis of pig movements in Argentina: basic reproduction rate in relation with farms biosecurity. 11<sup>th</sup> European Symposium of Porcine health management. 22, 23 y 24 de mayo de 2019. Utrecht, Holanda. Tipo de presentación: oral.

### **Abstract**

The spread of an infectious disease within the livestock population is highly determined by the network of contacts between farms. Usually, a small fraction of the population contributes disproportionately to spread the infection and therefore targeted interventions aimed at those farms are highly effective. The aim of the present study was to identify the pig farms that would potentially have the highest contribution to the dissemination of infectious diseases in Argentina by transporting breeding pigs. The network was built with the movements originated in farms authorized for the sale of breeding animals and with destination to commercial farms during 2017. The farms were the nodes of the network and the movements of animals among them, the edges. We calculated farms-level network properties (in- and out-degree, and betweenness). Those values were used to calculate the basic reproductive rate ( $R_0$ ) according to Woodhouse et al. (2005). To examine the role of each farm in the potential transmission they were removed one by one, starting by those with the highest degree and/or betweenness; the  $R_0$  was calculated for each reduced network and divided by the  $R_0$  of the full network according to Marquetoux et al., (2016). The biosecurity score was calculated according to Alarcón et al. (2018) for all the farms. Results evidenced that just 2.7% of the nodes (i.e. 39 farms) accounted for most of the potential spread of the disease as the removal of those nodes resulted in a reduction of 80% of the  $R_0$  ratio. The biosecurity score of those “super-spreaders” was similar to the other farms (41% vs. 37%). The results of this study show that a targeted program for increasing the biosecurity of those farms and a continuous surveillance of their health status might be a cost-effective approach to prevent dissemination of diseases at country level.

Alarcón L.<sup>1,2</sup>, Cipriotti P.A.<sup>3</sup>, Monterubbianessi M.<sup>4</sup>, Perfumo C.<sup>2</sup>, Mateu E.<sup>1,5</sup>, Allepuz A. Network analysis of pig movements in Argentina: identification of key farms in the spread of diseases and relationship with their biosecurity level. 8<sup>th</sup> International Symposium on Emerging & re-emerging Pig Diseases, Santiago de Chile, 2019. Tipo de presentación: enviado.

### **Abstract**

The present study analyzed the movements of pigs among commercial farms in Argentina with the aim to understand how they could contribute to the spread of a highly infectious disease upon its introduction. We also aimed to analyze the role of super-spreader farms in relation to their biosecurity. Pig movements data of Argentina for the 2014-2017 period were grouped in: animals of high genetic value sent to other farms (i.e. genetic), movements to or from markets and movements to finisher operations. Descriptive, centrality and cohesion measures were calculated for each type of movement and year. Next, to determine if the networks had a small-world topology the average path length and the clustering coefficients were compared with the results of random Erdős–Rényi network simulations. Finally, the  $R_0$  of the genetic network was calculated and its reduction was assessed by removing highly connected farms. Farms whose elimination resulted in a reduction of 90% on  $R_0$  were considered as super-spreaders and their external biosecurity score was evaluated. The three analyzed networks followed a power-law distribution (i.e. few nodes accounted for most of the movements) and the genetic network had a remarkable small world topology. Therefore, a disease would spread fast if arriving to a highly connected farm and will be unlikely contained within small groups. In the genetic network, thirty-one farms were identified as super-spreaders for all years, while other 55 were super-spreaders at least one year from an average of 1613 farms/year here analyzed. Removal of less than 5% of the farms resulted in a >90% reduction of  $R_0$  indicating that just few farms would have a key role in the spread of diseases. When the biosecurity scores of them were examined it was evident that many farms were at risk of introducing and disseminating new pathogens because of its limited external biosecurity. Results allowed to identify which farms have a high potential for disease spread through animal movements. Those farms are targets for prevention and intervention actions. Results also emphasize the need for increasing the biosecurity of those critical farms.

