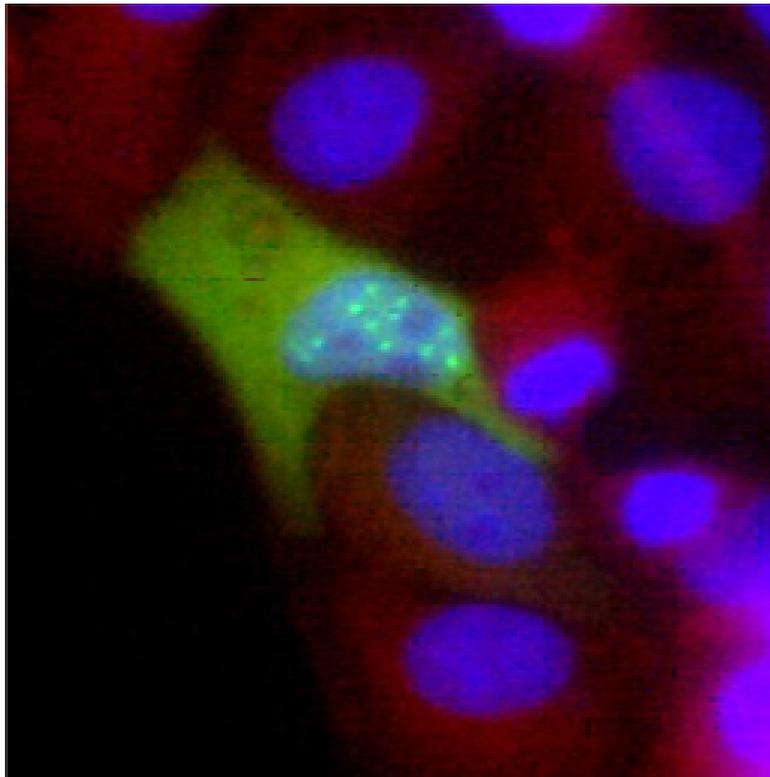


04/2009

Torque teno virus y el cerdo español: una relación de antaño



Investigadores de la Universitat Autònoma de Barcelona evidencian la evolución de la infección del *Torque teno virus* (TTV) en cerdos españoles, un virus del que existen múltiples especies, incluida la humana, aunque no se asocia a ninguna enfermedad en concreto. Mediante una descripción retrospectiva (1985-2005) y aplicando la técnica de reacción en cadena de polimerasa (PCR) de los dos genogrupos de TTV conocidos en la especie porcina-TTV1 y TTV2-, el estudio constata que en el Estado español este agente vírico ha estado presente en los cerdos, como mínimo, desde el inicio del período y siempre con una alta prevalencia. Dado que se trata de un agente específico, estos resultados confirman también que el TTV no es

aparentemente el causante de enfermedad ni es potencialmente zoonótico. Pero todavía se ha ido más allá. Demuestran que, aunque el genoma de los TTVs en el cerdo no ha experimentado un cambio evolutivo, ciertas regiones del genoma de TTV se convierten en una buena oportunidad para iniciar futuros estudios filogenéticos.

Los *Torque teno virus* (TTV) forman parte de la familia flotante de los *Anellovirus* y se tratan de agentes víricos muy pequeños, con una sola cadena de ADN simple y circular. A pesar de que el primer TTV fue descrito en la especie humana asociado a un proceso de hepatitis post-transfusión, este virus se considera actualmente como no patogénico para el hombre. Desde entonces, se han descrito TTV en diferentes especies animales domésticas y salvajes, y en todos los casos se ha constatado, al igual que en el hombre, una elevada a muy elevada prevalencia. Este hecho es uno de los que sugiere que este virus sea no patogénico.

Por otra parte, los TTV parece que son especies específicas y, por tanto, se descarta un posible efecto zoonótico. En el cerdo existen dos genogrupos de TTV, que habitualmente se denominan genogrupo 1 (TTV1) y genogrupo 2 (TTV2). En el estudio presentado se estudió retrospectivamente la evidencia de infección de los TTVs del cerdo en animales del Estado Español entre los años 1985 y 2005, y mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), que permitía detectar una secuencia de 250 nucleótidos de la zona no codificadora del genoma vírico.

Este estudio se realizó con un total de 162 animales, incluyendo cerdos de transición y engorde por un lado, y cerdos adultos (cerdas) por otro. En todos los años se encontró positividad frente a los virus estudiados, con unos resultados que indican que la prevalencia ha sido elevada durante todo el periodo estudiado. De todos los animales estudiados, 113 (69.8%) estaban infectados con uno u otro genogrupo de TTV. Además, 38 de estos cerdos estaban co-infectados con los dos genogrupos de TTV (23.5%). En concreto, el TTV2 mostró una mayor prevalencia que el TTV1, siendo estas del 55.6% (90 positivos de 162 animales estudiados) y del 33.3% (54 de 162), respectivamente. Por otra parte, se secuenció 1 o 2 de los productos de PCR de cada genogrupo de TTV correspondientes a cada año estudiado, de manera que se pudo realizar un estudio de evolución genómica. Este estudio mostró que la región no codificadora del genoma de TTV es un buen marcador molecular para estudios filogenéticos, y no se constató que el genoma de los TTVs del cerdo haya variado a lo largo del tiempo.

Este estudio representa la evidencia más temprana hasta el momento de infección de TTV en el cerdo, hasta 14 años antes de la descripción inicial del virus. Es más, ésta es también la evidencia de infección por TTV de todas las especies donde este virus puede infectar.

Joaquim Segalés

Universitat Autònoma de Barcelona

Joaquim.Segales@uab.cat

Referencias

Torque teno virus infection in the pig and its potential role as a model of human infection.
Segalés J, Martínez-Guinó L, Cortey M, Navarro N, Huerta E, Sibila M, Pujols J, Kekarainen T.
VETERINARY JOURNAL, 180 (2): 163-168 MAY 2009

[View low-bandwidth version](#)