



unl | Universidad
Nacional
de Loja

Universidad Nacional de Loja

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Maestría en Sanidad Animal

Determinación de patrones espaciales de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021

Trabajo de Titulación previo a la obtención del título de Magíster en Sanidad Animal

AUTOR:

Mvz. Darwin Mauricio Palma Ramírez

DIRECTOR:

Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc.

Loja – Ecuador

2023

Certificación

Loja, 14 de agosto del 2022

Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc.

DIRECTOR DE TRABAJO DE TITULACIÓN

CERTIFICO:

Que he revisado y orientado todo el proceso de la elaboración del Trabajo de Titulación denominado: **Determinación de patrones espaciales de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021**, de autoría del estudiante Darwin Mauricio Palma Ramírez, con **cédula de identidad** Nro. **1104621980** previa a la obtención del título de **Magister en Sanidad Animal**. Una vez que el trabajo cumple con todos los requisitos estipulados por la Universidad Nacional de Loja, apruebo y autorizo su presentación para los trámites de Titulación.



Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc.

DIRECTOR DE TRABAJO DE TITULACIÓN

Autoría

Yo, **Darwin Mauricio Palma Ramírez**, declaro ser autor del presente Trabajo de Titulación y eximo expresamente a la Universidad Nacional de Loja y a sus representantes jurídicos, de posibles reclamos y acciones legales, por el contenido del mismo. Adicionalmente acepto y autorizo a la Universidad Nacional de Loja la publicación de mi Trabajo de Titulación, en el Repositorio Digital Institucional – Biblioteca Virtual.



Firma:

Autor: Darwin Mauricio Palma Ramirez

Cédula: 1104621980

Correo electrónico: darwinpalma.ec@gmail.com

Teléfono: +593-992-557-643

Fecha: 03/07/2023

Carta de autorización por parte del autor para consulta, reproducción parcial o total, y/o publicación electrónica del texto completo, del Trabajo de Titulación.

Yo, **Darwin Mauricio Palma Ramírez**, declaro ser autor del Trabajo de Titulación denominado: **Determinación de patrones espaciales de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021**, como requisito para optar por el título de **Magister en Sanidad Animal** al sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja para que, con fines académicos, muestre la producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido en el Repositorio Institucional.

Los usuarios pueden consultar el contenido de este trabajo en el Repositorio Institucional, en las redes de información del país y del exterior con las cuales tenga convenio la Universidad.

La Universidad Nacional de Loja, no se responsabiliza por el plagio o copia del Trabajo de Titulación, que realice un tercero.

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Loja, a los tres días del mes de julio del dos mil veintitrés.

Firma:



Autor: Darwin Mauricio Palma Ramírez

Cédula: 1104621980

Dirección: Loja, Puyango, Alamor, ciudadela las orquideas

Correo: darwinpalma.ec@gmail.com

Teléfono:0992557643

DATOS COMPLEMENTARIOS:

Director del Trabajo de Titulación: Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc.

Dedicatoria

Dedico mi proyecto de investigación a Dios por darme salud y sabiduría, y darme la fortaleza que se requiere en los momentos mas difíciles.

Para mi esposa Victoria Anabel Ochoa Valarezo, por su comprensión, y su esfuerzo. Para mi hija Tere Victoria Palma Ochoa mi vendición, es un gran impulso para seguir y cumplir lo que me proponga; siempre van ha estar para darme fortaleza.

Para mis Padres Mario Rodrigo Palma Guerrero y Celia Prudencia Ramírez Loaiza, mis hermanos Beatriz y Oswaldo, mi sobrino Erik. A todos ellos, muchas gracias, son parte mis metas profesionales cumplidas.

Darwin Mauricio Palma Ramírez

Agradecimiento

Agradezco a Dios, por brindarme momentos extraordinarios, pero sobre todo una hermosa familia.

Agradecimiento especial al programa de maestría liderado por el Doctor Galo Vinicio Escudero Sanchez el cual me permitió formarme para enfrentar nuevos retos y desafíos.

A mi director de Trabajo de Titulación Dr. Roberto Claudio Bustillos Huilca mi agradecimiento y admiración, ya que sin él este proyecto no sería posible.

A mi codirector de Trabajo de Titulación Ing. Alfredo Javier Acosta Batalla siempre voy a estar en deuda, gracias por su motivación y su impulso.

Darwin Mauricio Palma Ramírez

Índice de contenidos

Portada.....	i
Certificación.....	ii
Autoría....	iii
Carta de autorización	iv
Dedicatoria.....	v
Agradecimiento.....	vi
Índice de contenidos	vii
Índice de figuras.....	ix
Índice de tablas	x
Índice de anexos	xi
1. Título.....	1
2. Resumen	2
2.1. Abstract.....	3
3. Introducción.....	4
4. Marco teórico	6
4.1. Etiología	6
4.1.1. Capacidad de resistencia del virus	7
4.1.2. Taxonomía	7
4.1.3. Características Morfológicas, estructurales y moleculares	7
4.2. Transmisión	8
4.3. Patogenicidad	8
4.4. Signos clínicos y lesiones	10
4.4.1. Presentación aguda.....	10
4.4.2. Presentación crónica	11
4.4.3. Presentación congénita persistente.....	11
4.5. Diagnóstico clínico, serológico y molecular	12
4.6. Prevención y control	14
4.7. Epidemiología	14
4.8. Vigilancia Epidemiológica.....	15
4.9. Análisis espacial de enfermedades.....	16
5. Metodología.....	20
5.1. El área de estudio.....	20
5.2. Recopilación de datos.....	20
5.3. Procesamiento de datos y Análisis estadístico.....	21
6. Resultados	22

6.1.	Análisis descriptivo	22
6.2.	Epidemias y brotes de Peste Porcina Clásica	23
6.3.	Detección de conglomerados de Peste Porcina Clásica	24
6.3.1.	Análisis prospectivo (50 % población en riesgo)	24
6.3.2.	Análisis prospectivo (25 % población en riesgo)	26
6.3.3.	Análisis retrospectivo (50 % población en riesgo).....	27
6.3.4.	Análisis retrospectivo (25 % población en riesgo).....	29
7.	Discusión	32
8.	Conclusiones	35
9.	Recomendaciones	36
10.	Bibliografía.....	37
11.	Anexos.....	44

Índice de figuras

Figura 1. Brotes de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021.	23
Figura 2. Detalle de Clústeres prospectivos espacio temporales (2019-2021), el análisis incluye el 50 % de población en riesgo.	24
Figura 3. Línea del tiempo de clústeres activos en análisis prospectivo, con el 50 % de población en riesgo.....	25
Figura 4. Detalle de clústeres prospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 25 % de población en riesgo.	26
Figura 5. Línea del tiempo de clústeres activos en análisis prospectivo, con el 25 % de población en riesgo.....	27
Figura 6. Detalle de clústeres retrospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 50 % de población en riesgo.	28
Figura 7. Línea del tiempo de clústeres activos en análisis retrospectivo, con el 50 % de población en riesgo.....	29
Figura 8. Detalle de clústeres retrospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 25 % de población en riesgo.	30
Figura 9. Línea del tiempo de clústeres activos en análisis retrospectivo, con el 25 % de población en riesgo.....	31

Índice de tablas

Tabla 1. Número de brotes de Peste Porcina Clásica por provincia.	22
Tabla 2. Detalle del análisis espacio temporal prospectivo (50 % población en riesgo)..	24
Tabla 3. Detalle del análisis espacio temporal prospectivo (25 % población en riesgo)..	26
Tabla 4. Detalle del análisis espacio temporal retrospectivo (50 % población en riesgo).	28
Tabla 5. Detalle de análisis espacio temporal retrospectivo (25 % población en riesgo).	30

Índice de anexos

Anexo 1. Certificado de traducción del Abstract	44
--	----

1. Título

Determinación de patrones espaciales de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021.

2. Resumen

En Ecuador, un importante sector se dedica a la porcicultura y es perjudicado por la Peste Porcina Clásica (PPC), enfermedad caracterizada por presentarse como un síndrome multisistémico infeccioso. Durante el periodo 2019 al 2021, se registraron 415 notificaciones de enfermedades presuntivas, confirmándose 61 brotes de PPC. Las estrategias de control se basan en medidas de cuarentena, sacrificio de piaras infectadas e inmunización. En la presente investigación se propuso determinar zonas de alto riesgo a la PPC, utilizando la información del SVO del 2019 a 2021. Se realizó un análisis espacio temporal prospectivo y retrospectivo, implementando un modelo de probabilidad de Poisson, para identificar grupos temporo espaciales de transmisión de la enfermedad y predecir patrones de comportamiento en áreas específicas. Los resultados muestran conglomerados donde el riesgo de la enfermedad es mayor que su entorno y otras áreas donde el riesgo de casos esperados es más alto, debido principalmente al mayor número de granjas porcinas. Hubo importantes grupos de espacio tiempo de PPC, el análisis determinó provincias como: Manabí (Clúster 1), Loja (Clúster 2) y Zamora (Clúster 3). Esta investigación facilita la comprensión y dinámicas de transmisión, y aporta propuestas de lugares de control e implementación de actividades de vigilancia epidemiológica basada en riesgo. Los hallazgos brindan un impulso a investigaciones futuras con el objetivo de examinar los factores que predisponen y pueden influir en la propagación de la enfermedad.

Palabras claves: Epidemiología, Vigilancia Sanitaria, Zonas de riesgo, Peste Porcina Clásica, Espacio temporal, Conglomerado.

2.1. Abstract

In Ecuador, an important sector is dedicated to pig farming and is harmed by Classical Swine Fever (CSF), a disease characterized by presenting as an infectious multisystem syndrome. During the period 2019–2021, 415 notifications of presumptive diseases were registered, confirming 61 PPC outbreaks. Control strategies are based on quarantine measures, the slaughter of infected herds, and immunization. In the present investigation, it was proposed to determine high-risk areas for CSF, using the information from the SVO from 2019 to 2021. A prospective and retrospective spatial-temporal analysis was carried out, implementing a Poisson probability model, to identify temporal-spatial groups of disease transmission and predict behavior patterns in specific areas. The results show clusters where the risk of the disease is higher than their surroundings and other areas where the risk of expected cases is higher, mainly due to the greater number of pig farms. There were important PPC space-time groups, and the analysis determined provinces such as Manabí (Cluster 1), Loja (Cluster 2), and Zamora (Cluster 3). This research facilitates the understanding and dynamics of transmission and provides proposals for control sites and the implementation of risk-based epidemiological surveillance activities. The findings provide the impetus for future research aiming to examine factors that predispose to and may influence the spread of the disease.

Keywords: Epidemiology, Sanitary Surveillance, Risk areas, Swine Fever, Classical, Temporary space, Conglomerate.

3. Introducción

La Peste Porcina Clásica (PPC) es una enfermedad que afecta a los cerdos, tanto en su hábitat natural como en granjas. Es una de las patologías más importantes a nivel global ocasionada por un ARN virus perteneciente al género Pestivirus, de la familia Flaviviridae (Blome et al., 2017a), sin embargo, no causa repercusiones en la salud humana (Brown et al., 2021). La PPC tiene un fuerte impacto en la industria porcina y en la salud animal, la enfermedad causa graves pérdidas económicas debido a la alta mortalidad y morbilidad en las piaras de cerdos, especialmente en países donde la PPC es endémica (Blome et al., 2017; Acosta et al., 2019).

Se identifican tres genogrupos genéticos en la categorización viral de la PPC (Patón et al., 2000). Las cepas presentes en Ecuador se encuadran dentro de los genogrupos 1.1 y 1.6 (Garrido Haro et al., 2018). Las características del virus sumada a la susceptibilidad del huésped, hace que se puedan observar una amplia gama de síndromes clínicos y, por lo tanto, es obligatorio el diagnóstico de laboratorio (Coronado et al., 2021a).

La presencia de este virus también genera enormes limitaciones al comercio internacional, los países infectados no pueden comercializar animales vivos, adicionalmente el comercio de productos y subproductos se restringe. De esta forma se establece una serie de requisitos sanitarios para la importación de productos cárnicos (Gómez-Vázquez et al., 2019).

Actualmente, la PPC está presente en todos los continentes y solo 38 países han sido reconocidos como libres por la OMSA (Organización Mundial de Sanidad Animal). En América del Sur, específicamente en la Comunidad Andina, la enfermedad se considera endémica, excepto en algunas zonas de Brasil, Colombia y Ecuador (Islas Galápagos) (Acosta et al., 2019; AGROCALIDAD, 2021; WAHIS 2022).

En Ecuador, la PPC fue documentada y tuvo su primer registro formal en 1940. En 1978, el Gobierno registró la enfermedad en el sistema de vigilancia epidemiológica bajo el auspicio del Programa Nacional de Salud Animal (Coronado et al., 2021a). La presencia oficial de la enfermedad fue notificada a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) en 2006, después de tres brotes reportados. Desde entonces, la PPC ha estado presente en el país (A. J. Acosta et al., 2022; OMSA, 2022).

Las pérdidas económicas provocadas por la PPC en el Ecuador se han estimado en aproximadamente 6 millones de dólares anuales, esta cantidad incluye a 826.722 trabajadores, considerando las diferentes formas de producción y mano de obra asociadas a la porcicultura, lo que representa el 5% de la población del país (AGROCALIDAD, 2021).

Ecuador en el 2009 implementó un programa de control sanitario a cargo del Servicio Veterinario Oficial (SVO), en concordancia con las actividades de vigilancia del

programa nacional de sanidad porcina. El SVO desarrolla acciones importantes para reducir el número de brotes, ejecuta vacunación obligatoria, control de movilización, cuarentena de granjas afectadas y sacrificio sanitario de animales positivos y sus contactos (Popescu, 2017). La Peste Porcina Clásica (PPC) es una patología que requiere ser notificada a la OMSA de manera obligatoria (Coronado et al., 2021a).

Existen algunos estudios realizados en el país, estos demuestran presencia de lugares con niveles endémicos de PPC por más de 2 años y áreas ubicadas con diferentes sistemas de producción que son de riesgo para la enfermedad (A. Acosta et al., 2019). Así también Cantelles Garcia et al., (2019), identificaron áreas de alto riesgo que deben ser priorizadas en la prevención y control. Por lo tanto, se reafirma la importancia de la identificación de conglomerados para mejorar el control de la peste porcina clásica en todo el país. Esta metodología destaca epicentros de diseminación de la enfermedad y mejora la vigilancia teniendo en cuenta principios basados en el riesgo (Fonseca et al., 2018).

Con base en estos antecedentes, el propósito de esta investigación fue analizar la distribución espacial de la peste porcina clásica en Ecuador, utilizando datos del Servicio Veterinario Oficial (SVO) reportados en el periodo 2019-2021. Este análisis busca proporcionar información relevante a productores, técnicos de Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG), funcionarios de secretarías de fomento ganadero, estudiantes y asociaciones de porcicultores, con el fin de ampliar la comprensión de los factores que inciden en la distribución espacial de la enfermedad y que las decisiones de control sean mejor sustentadas, considerando trabajos científicos.

4. Marco teórico

4.1. Etiología

El agente etiológico de la PPC es un virus, el cual se descubrió mediante la filtración de secreciones de animales enfermos. El virus tiene una dimensión de 40 a 60 nm, con recubrimiento de ARN como material genético y con una simetría hexagonal (Blome et al., 2017b). Las primeras notificaciones oficiales de aparición del virus de la PPC proceden de Ohio, EE. UU, en el año 1833. Entre 1860 y 1970, la PPC se dispersó extensamente por los continentes americano y europeo. En 1978, fue erradicada en América del Norte (Edwards et al., 2000a). Desde entonces, América del Norte y Australia están oficialmente libres de peste porcina clásica (Postel A, Moennig V, Becher P, 2013). En África la situación de la enfermedad sigue sin estar clara, principalmente debido a la notificación inadecuada y la falta de vigilancia; sin embargo, se sabe que la peste porcina clásica ha sido endémica en partes de Asia, así como en áreas de América Central y del Sur desde hace varios años (Postel A, Moennig V, Becher P, 2013).

Después de brotes devastadores en los Países Bajos en la década del 90 y brotes esporádicos que ocurrieron a partir de entonces, los últimos brotes en Europa se informaron en cerdos domésticos de Letonia en 2014. Sin embargo, en jabalíes, la enfermedad estuvo presente al menos hasta 2016 en este último país (Edwards et al., 2000b). La PPC se informó por primera vez en Ecuador en la década de 1940 (Coronado et al., 2021a), sin embargo, la presencia de la enfermedad se registró oficialmente en la OIE desde 2006, cuando se notificaron tres brotes y la enfermedad ha estado presente en el país desde entonces (OIE, 2011).

Desde 2011, Ecuador ha implementado el proyecto de control y erradicación, utilizando vacunas atenuadas de la cepa C de la Peste Porcina Clásica. Estudios previos de epidemiología molecular han revelado que las cepas encontradas en Ecuador pertenecen al subgenotipo 1.1 del virus, sin embargo, se ha reportado recientemente la aparición de un nuevo subgenotipo, el 1.7. Aunque aún no se han identificado las causas específicas que han dado origen a este evento, existen estudios en curso que buscan analizar si las nuevas cepas de la enfermedad de la PPC en Ecuador han surgido como resultado de la adaptación del virus a la vacuna y su capacidad para evadir su efecto protector (Coronado et al., 2021a).

4.1.1. Capacidad de resistencia del virus

El virus causante de la PPC puede ser alterado por algunas condiciones físicas y químicas; dentro de las cuales tenemos: temperatura, pH, desinfectantes y supervivencia. El virus es sensible al calor, siendo inactivado con una cocción a 65,5 °C en media hora, mantiene su virulencia a un pH de 5 a 10. Los desinfectantes fenólicos e hipoclorito de sodio inactivan al virus. El virus es moderadamente frágil y no persiste en el medio ambiente, pero puede sobrevivir en corrales fríos y en la carne durante el curado en sal y el ahumado durante periodos de tiempo que varían. Sobrevive durante 3-4 días en órganos en descomposición y 2 semanas en médula ósea (OMSA, 2022).

4.1.2. Taxonomía

El virus de la PPC, anteriormente llamado Hog cholera virus (Simmonds et al., 2017), es un pequeño virus de ARN con envoltura monocatenaria positiva, forma parte del género *Pestivirus* y familia *Flaviviridae*. Otros miembros de este género son el virus vDVB tipo 1 y vDVB tipo 2, enfermedad de la frontera (BDV), y otros integrantes no clasificados, desde el virus de la jirafa hasta los pestivirus atípicos "HoBi", y recientemente descubierto del virus Bungowannah y pestivirus atípico porcino (Blome et al., 2017a).

4.1.3. Características Morfológicas, estructurales y moleculares

El genoma consta de 12,3 kb e incluye un gran marco de lectura abierto (ORF), tiene dos regiones no traducidas (NTR) que lo rodean. El genoma viral codifica para once proteínas virales, cuatro estructurales y siete no estructurales (NS). En detalle, la proteína central (C) junto con tres glicoproteínas de la envoltura (E1, E2 y Erns) constituyen el virión, y Npro, p7, NS2-3, NS4A, NS4B, NS5A y NS5B son proteínas no estructurales (Schulz et al., 2017).

Las cepas de VPPC se pueden asignar a tres genotipos distintos con tres a cuatro subtipos (Postel et al., 2013). Esta clasificación se basa en las secuencias de nucleótidos de fragmentos de la región 5' no traducida (5'-NTR) y de la región que codifica la glicoproteína E2. Los diferentes subtipos muestran una distribución geográfica particular y la tipificación genética se utiliza para comprender tanto la epidemiología macroscópica como la molecular. Las cepas europeas recientes pertenecen al genotipo 2, especialmente a los subtipos 2.1 y 2.3. Muy a menudo, estas cepas de virus son moderadamente virulenta (Schulz et al., 2017; Simmonds et al., 2017).

4.2. Transmisión

El virus se puede excretar a través de las heces y todos los fluidos corporales como la saliva y la orina. Los animales infectados pueden excretar grandes cantidades de virus durante un período relativamente largo (Schulz et al., 2017). La infección generalmente ocurre por vía oro-nasal a menudo a través de contacto directo, pero potencialmente también a través de contacto indirecto (Moennig, 2015). La dosis infecciosa por infección oro nasal oscila entre 10 y 80 TCID (dosis infecciosa de cultivo de tejidos) (de Carvalho Ferreira et al., 2013).

Se describen diferentes rutas de transmisión indirecta, a través del contacto con materiales y vehículos contaminados, que son mecanismos que predisponen a las granjas porcinas ante el virus (Schulz et al., 2017). Además, este tipo de transmisión a través de alimentos contaminados, basura o desperdicios, se ha sugerido como una fuente común de ingreso del virus a granjas susceptibles (Moennig, 2015). Los movimientos de personas conllevan el riesgo de transmisión a través de ropa contaminada, vehículos o agujas usadas repetidamente. Se describe que la transmisión indirecta a través de las excreciones es bastante improbable (Dewulf et al., 2002).

El VPPC puede atravesar la barrera placentaria y, en consecuencia, infectar a los fetos en el útero. También se ha informado la transmisión del virus a través del semen de verraco (Schulz et al., 2017). El aislamiento y la cuantificación del virus a partir de muestras de aire procedentes de animales positivos, respalda los hallazgos de que la transmisión viral por vía aérea es factible (Weesendorp et al., 2008).

4.3. Patogenicidad

El agente patógeno tiene predilección por células epiteliales de las criptas amigdalinas, independientemente de la vía de entrada y posteriormente invade los tejidos linfoides (Ganges et al., 2020a). Después de entrar en los capilares, el virus se transporta a los linfonodos regionales y entra en los capilares sanguíneos, dando lugar a la viremia. Posteriormente, el virus alcanza la médula ósea y los órganos linfoides secundarios, como el bazo e intestino delgado, donde se replica. Al final de la fase virémica, los órganos quimatosos parentales son invadidos (Ganges et al., 2020a).

El VPPC tiene una afinidad particular por las células endoteliales y el sistema de fagocitos mononucleares, que son fundamentales en las respuestas inmunitarias innatas y adaptativas (Ganges et al., 2020a). Las células dendritas (CD) son las principales responsables del reconocimiento inicial de patógenos y de la regulación de las primeras fases de la respuesta inmune inducida. Después de la infección, el VPPC induce la

proliferación de CD sin interferir con su maduración y capacidad de presentación de antígenos, sirviendo, así como vehículo para la propagación del virus en el organismo (Floegel-Niesmann et al., 2003).

Para la PPC el curso de la enfermedad depende de varios factores, la virulencia, la cantidad de virus, el estado sanitario y particularmente edad del animal afectado. Se conocen tres cursos diferentes de infección, la forma aguda, crónica y prenatal. Este último puede conducir a la llamada forma de "inicio tardío" (Moennig, 2015). El período de incubación está en el rango de 4 a 10 días. La forma aguda de VPPC se manifiesta a menudo con fiebre, signos respiratorios y gastrointestinales, letargo e inapetencia. La forma aguda puede estar acompañada de signos hemorrágicos o neurológicos severos. La mortalidad en los lechones puede ser muy alta, mientras que los animales mayores pueden resistir una infección y desarrollar una inmunidad de por vida (OMSA, 2022).

La forma crónica está causada por virus de menor virulencia y suele producir síntomas inespecíficos como enrojecimiento, infecciones secundarias tanto del tracto respiratorio como gastrointestinal, lesiones cutáneas y, en el caso de las cerdas, disminución de la fertilidad. Los animales pueden mostrar una recuperación inicial, sin embargo, después de varios meses, todos los animales sucumben a la infección y mueren (Schulz et al., 2017).

El resultado de la infección transplacentaria depende de la etapa de gestación. Al principio de la gestación, la infección por VPPC generalmente causa aborto, muerte fetal, momificación o malformación. Sin embargo, las infecciones en el segundo y tercer mes de gestación pueden conducir al desarrollo de lechones persistentemente infectados. Estos lechones son inmunotolerantes a la cepa del virus causante y pueden nacer sanos. Además, estos animales eliminan virus constantemente hasta que finalmente mueren (Moennig et al., 2003).

En cuanto a la patología de las formas agudas, el bazo, riñones y nódulos linfáticos, así como otros órganos, pueden estar edematosos y hemorrágicos. Además, a veces se encuentran infartos de bazo y regiones necróticas en las amígdalas. En los animales que mueren debido a la forma crónica las hemorragias típicas suelen faltar, mientras que las lesiones necróticas en el tracto gastrointestinal son más comunes. Las infecciones secundarias pueden dominar las lesiones patológicas (Schulz et al., 2017).

4.4. Signos clínicos y lesiones

Existe una diversidad en las demostraciones clínicas que presenta el virus PPC, y están determinados por la infecciosidad de la cepa, las respuestas inmunitarias del huésped, edad, raza, los antecedentes genéticos, el estado de salud e infecciones concomitantes (Ganges et al., 2020b).

Las formas clínicas de VPPC pueden seguir cursos agudos, crónicos, no aparente o persistente. Los resultados de investigaciones experimentales se centran en gran medida, en la descripción de la enfermedad aguda tras la inoculación con cepas virulentas, caracterizada por un corto período de incubación, acompañado de escasos signos y una rápida mortalidad a los pocos días de la exposición (Ganges et al., 2020b).

Las formas crónicas y no aparentes de la enfermedad se observan principalmente en áreas endémicas, donde pueden ser mal diagnosticadas y convertirse en una fuente de nuevos brotes de peste porcina clásica (Coronado et al., 2021a).

4.4.1. Presentación aguda

La forma aguda es causada por cepas altamente virulentas, aunque las cepas de virulencia moderada también pueden desencadenar la infección. Es más frecuente en lechones de hasta 12 semanas de edad, mientras que las formas más leves suelen observarse en cerdos de mayor edad (Noboa Velástegui et al., 2019). Tras un breve período de incubación (2 a 6 días tras la exposición), los cerdos desarrollan una pirexia sostenida (>40 °C) (Bohórquez et al., 2019).

El rasgo más característico es el síndrome hemorrágico, que incluye petequias de la piel, mucosas y cianosis de abdomen, orejas, hocico y cara medial de las extremidades. Los hallazgos clínicos incluyen conjuntivitis, estreñimiento seguido de diarrea intensa ("cólera"), temblores, trastornos del aparato locomotor, marcha renuente, balanceo del cuarto trasero, convulsiones de leves a graves y postración en la fase terminal (Tarradas et al., 2014).

La letalidad es del 100 % y los decesos ocurren 10 y 20 días después de la infección. En general, las lesiones patológicas típicas consisten en ganglios linfáticos inflamados o hemorrágicos y hemorragias petequiales de las amígdalas y los órganos internos y serosa, especialmente del tracto gastrointestinal, riñones, bazo y ganglios linfáticos (Moennig et al., 2003).

Sin embargo, en los casos sobreagudos, estas lesiones patológicas a menudo pueden pasar desapercibidas o no existir. La forma subaguda se manifiesta también con

pirexia, diarrea, trastornos del sistema nervioso central, pero los síntomas son menos graves y la letalidad es menor (Floegel-Niesmann et al., 2003).

4.4.2. Presentación crónica

En contexto, una infección se considera crónica cuando la supervivencia de los animales infectados supera los 30 días (Muñoz-González et al., 2015). Los cerdos no son capaces de generar inmunidad efectiva contra la infección (Tarradas et al., 2014).

Considerando que, las infecciones crónicas pueden establecerse en presencia de anticuerpos neutralizantes (Blome et al., 2017a). La forma crónica de la enfermedad se manifiesta con retraso del crecimiento, anorexia, pirexia y diarrea intermitentes. En una primera fase, el cuadro clínico puede ser similar a la forma aguda de PPC. Superada la fase inicial, los signos clínicos pueden desaparecer y los animales pueden parecer aparentemente sanos (Blome et al., 2017a). Sin embargo, con el tiempo la enfermedad progresa con signos inespecíficos, con la recurrencia de fiebre intermitente, diarrea y emaciación, que no siempre son fáciles de identificar en la granja (Moennig, 2015).

Es bastante común encontrar lesiones ulcerativas y necróticas ("úlceras en botón") en la válvula ileocecal en animales con diarrea crónica, así como a lo largo del íleon y el colon (Blome et al., 2017b). Las úlceras necróticas también son comunes en la epiglotis y la laringe. Las infecciones bacterianas secundarias son frecuentes (Coronado et al., 2021b). En general, los signos clínicos bastante inespecíficos y los hallazgos patológicos de esta forma pueden confundirse con otras enfermedades, que deben incluirse en el diagnóstico diferencial (M. Rout & G. Saikumar, 2012).

4.4.3. Presentación congénita persistente

Está bien establecido que la transmisión transplacentaria del VPPC puede dar lugar a la generación de crías persistentemente infectadas, especialmente si la infección tiene lugar durante la mitad de la gestación, un fenómeno conocido como "síndrome de la cerda portadora" (Schulz et al., 2017). Además, dependiendo de la virulencia y del momento de la infección durante la gestación, la infección transplacentaria puede resultar en aborto, muerte fetal, momificación, malformaciones o en el nacimiento de cerdos débiles. Los lechones infectados de forma persistente no pueden inducir respuestas contra el virus y padecen viremia de por vida (Bohórquez et al., 2019).

Aunque pueden parecer clínicamente sanos al nacer, pueden mostrar signos clínicos inespecíficos, como crecimiento deficiente, temblores congénitos de forma invariable. El desarrollo de anorexia leve, depresión, conjuntivitis, dermatitis, diarrea y

trastornos del aparato locomotor que conducen a paresia y finalmente, la muerte, puede tardar varios meses (Blome et al., 2017a).

Según Ganges et al. (2020), se ha informado sobrevivencias de hasta 11 meses después del nacimiento, los lechones persistentes infectados actúan como un reservorio viral y propagan el virus sin ser detectado en las pruebas serológicas (Van Oirschot & Terpstra, 1977). Estos animales son refractarios a la vacunación y contribuyen a la circulación del virus en regiones donde la enfermedad es endémica (Coronado et al., 2021b). La presencia de animales persistentemente infectados, como se ha observado en estudios previos (Rios et al., 2017; Coronado et al., 2019), puede favorecer la prevalencia de cepas del patógeno que son menos virulentas.

4.5. Diagnóstico clínico, serológico y molecular

El diagnóstico de la PPC consta de cuatro elementos complementarios, el diagnóstico a partir de los signos clínicos en el campo y los hallazgos patológicos macroscópicos y los métodos indirectos (serológicos) y directos: detección de antígeno (aislamiento viral, ELISA de captura, Inmunoperoxidasa directa e Inmunofluorescencia), detección de ácido nucleicos virales (RT-PCR), y anticuerpos específicos (Virusneutralización, ELISA) son parte de los métodos utilizados en laboratorio (Beer et al., 2015).

El VPPC puede detectarse en hisopados, en sangre, suero, o en muestras de tejido (tonsilas, linfonodos faríngeos, bazo, riñones e intestino delgado) (The center for Food Security and Public Health, 2009). El diagnóstico clínico incluye signos, síntomas, hallazgos patológicos como las úlceras botonosas en ciego, petequias hemorrágicas en órganos y bazo infartado que son parte de la variabilidad de signos, que tienen estrecha similitud con otras enfermedades virales (Wang et al., 2020). Se debe sospechar de la presencia de PPC, si presentan fiebre persistente, se alimenta con desperdicios, ingresan nuevos lotes, problemas reproductivos.

Es fundamental tener un diagnóstico confirmatorio de PPC por un laboratorio, para precisar su presencia en granjas. El diagnóstico diferencial varía, dentro de las enfermedades más comunes relacionadas incluye al circovirus porcino tipo 2, Peste Porcina Africana, Erisipela, Síndrome Respiratorio y Reproductivo Porcino (PRRS), intoxicaciones por sal, Aujeszky, Parvovirus, Salmonella, *Haemophilus parasuis*, son incluidas en las enfermedades que tienen signología relacionada con la enfermedad (OMSA, 2022).

Siempre que se sospeche de presencia de PPC, el análisis de laboratorio es fundamental en la confirmación del virus en las explotaciones porcinas. Los anticuerpos

son detectados por primera vez 2-3 semanas después de la infección y persisten en los animales supervivientes durante toda su vida. Existen pruebas específicas que permiten verificar la presencia de anticuerpos en el laboratorio. Entre estas pruebas se encuentran la de neutralización del virus (VNT) y los ensayos inmunoabsorbentes ligados a enzimas (ELISA). La VNT se basa en la capacidad de los anticuerpos para neutralizar el virus, mientras que el ELISA utiliza enzimas para detectar la unión entre los anticuerpos y el virus (Beer et al., 2015).

El aislamiento del virus se realiza inoculando cultivos celulares permisivos con suspensión de órganos clarificados o con sangre entera, plasma o suero. Las líneas celulares más utilizadas para este fin son las células renales porcinas, concretamente las células PK 15 y SK6. El uso de varias líneas celulares, teniendo en cuenta las características de crecimiento de las diferentes cepas del virus, puede mejorar considerablemente esta técnica (Grummer et al., 2006). Dado que el virus no causa un efecto citopático, las células tienen que ser fijadas y teñidas para la detección del virus, ya sea mediante pruebas de inmunofluorescencia directa o indirecta (IFT), o mediante ensayos de inmunoperoxidasa (OMSA, 2022).

La presencia de antígeno en análisis de laboratorio puede identificarse en criosecciones fijadas de tejidos, utilizando IFT o PLA con anticuerpos monoclonales o policlonales. Las principales ventajas de estas pruebas son la rapidez de los resultados, por lo que son útiles para una primera investigación de laboratorio en un caso sospechoso. Sin embargo, debido a la tinción inespecífica que se produce con frecuencia, los resultados pueden no ser concluyentes y no se puede descartar. Además, la fiabilidad de los resultados depende de la capacidad del personal y experiencia (Greiser-Wilke et al., 2007).

Los primeros protocolos para la detección del ácido nucleico del virus mediante RT-PCR son publicados a principios de los años noventa (Roehe & Woodward, 1991) desde entonces, se ha convertido en una tecnología estándar en la mayoría de los laboratorios y se utiliza en el diagnóstico rutinario del virus de la peste porcina clásica. La RT-PCR es un método más sensible para la detección del virus de la PPC (Roehe & Woodward, 1991; Greiser-Wilke et al., 2007).

Es fundamental la determinación de genotipo o subgenotipo, en epidemiología la identificación es muy útil y se usa pruebas de ácido nucleico. Los antígenos se detectan por inmunofluorescencia directa (FAT o FATST) o ELISA. La prueba de ELISA es eficaz como pruebas de piara. Además, el VPPC puede aislarse en células de riñón (PK-15); identificando el virus con inmunofluorescencia directa o por la tinción con inmunoperoxidasa o RT-PCR. El aislamiento del ARN es uno de los pasos críticos más subestimados cuando se utiliza la RT-PCR para el cribado masivo de muestras. Hay que tener en cuenta dos puntos en el proceso de aislamiento: el tratamiento y la manipulación

de las muestras antes del aislamiento del ARN y el almacenamiento del ARN aislado (Blacksell et al., 2004). Dado que el primer paso del procedimiento es la lisis de las células mediante la adición de un fuerte desnaturizante que inactiva las enzimas, normalmente antes y después del aislamiento, cuando la integridad del ARN está en riesgo (Blacksell et al., 2004).

4.6. Prevención y control

La PPC no cuenta con un tratamiento curativo, por lo que la prevención se convierte en la principal medida de control. En este sentido, resulta crucial impedir la propagación del virus y evitar su ingreso a establecimientos pecuarios, zonas geográficas y países, lo cual puede lograrse mediante la implementación de medidas de bioseguridad y la vigilancia epidemiológica. Entre estas medidas destacan el control del tránsito de animales y productos, el monitoreo de carreteras, la supervisión de ferias pecuarias, mataderos y fronteras, así como la desinfección de equipos y vehículos (OMSA, 2022).

La utilización de vacunas vivas atenuadas, tales como la cepa China, con un control de eficacia avalado por los servicios sanitarios locales, ha demostrado ser una estrategia efectiva en los programas de control de la PPC. Para lograr la erradicación de la enfermedad, es necesario alcanzar un período de un año sin la presencia de casos clínicos. Una vez cumplido este plazo, se prohíbe el uso de vacunación, ya que esta puede interferir en el diagnóstico y permitir la circulación de cepas de baja virulencia, y se procede al sacrificio sanitario de los focos residuales. Después de dos años sin vacunación ni casos clínicos, se solicita a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) la condición de país libre de PPC (OMSA, 2022).

4.7. Epidemiología

Actualmente, la lista de la OMSA de territorios libres de la enfermedad incluye 38 países, América del Norte, Oceanía, así como una gran parte de la Unión Europea (UE). La PPC está presente en Asia, Sudamérica, Centroamérica y el Caribe, mientras que se declaró regiones específicas de Brasil, Colombia y Ecuador libres de la enfermedad, incluso si los países siguen siendo endémicos (Ganges et al., 2020c).

La situación del virus en África es desconocida en gran medida, aunque ha habido reportes de brotes en Madagascar y Sudáfrica, según lo señalado por Ganges et al., (2020a). En lo que respecta a la peste porcina clásica, de acuerdo con el Sistema Mundial de Información sobre Sanidad Animal (WAHIS), se han notificado casos más recientes de brotes de peste porcina clásica en diferentes países, como Corea, Colombia, Rusia, Brasil

y Japón, como menciona el mismo estudio realizado por Ganges et al., (2020). Además, los países endémicos representan un desafío constante para los programas de vigilancia en territorios libres de peste porcina clásica.

La peste porcina clásica aún está presente en algunas regiones y territorios de varios países de las Américas. Los esfuerzos concertados a nivel nacional y regional han logrado avances notables en los últimos 5 años, pero debido a la naturaleza transfronteriza de la enfermedad, cualquier negligencia o laxitud en las actividades de control o vigilancia debe ser motivo de preocupación regional (Vargas Terán et al., 2004).

Los signos clínicos se conocen desde hace décadas. No obstante, actualmente es difícil definirlos claramente, el virus circulante mantiene cepas con virulencia moderada en la región americana y producen una infección subaguda o crónica que es radicalmente diferente de la infección aguda, comúnmente caracterizada por cianosis de la piel, hemorragia visceral pantrópica, diarrea y una alta mortalidad (Vargas Terán et al., 2004). Además, la aparición de recién descritas y enfermedades porcinas emergentes como los síndromes respiratorio y reproductivo (PRRS) y los síndromes nefróticos de la piel (PDNS) complican enormemente el diagnóstico clínico (Moennig et al., 2003). En consecuencia, el laboratorio es primordial en la confirmación de casos y evaluar epidemiológicamente a un país.

Según información proporcionada por el Plan Continental de Erradicación de la PPC, se ha registrado una incidencia del 15 % de la enfermedad en el sistema de traspatio, mientras que en la producción industrial esta incidencia es del 0,3 %. Es importante tener en cuenta que la probabilidad de infección clínica y la tasa de mortalidad de la enfermedad pueden variar en función del sistema productivo en el que se desarrollen los animales. Por lo tanto, es fundamental implementar medidas de prevención y control adecuadas en ambos sistemas, con el fin de reducir la incidencia de la enfermedad y minimizar su impacto en la industria porcina (AGROCALIDAD, 2021).

4.8. Vigilancia Epidemiológica

En el mundo, la PPC sigue siendo endémica y se considera uno de los principales problemas en la producción. Para reducir las pérdidas como consecuencia de signos clínicos severos, la vacunación profiláctica se aplica en muchas de las regiones afectadas. Otras regiones del mundo han estado libres de peste porcina clásica durante mucho tiempo, por ejemplo, Australia (1962), Nueva Zelanda (1953), Canadá (1962) y Estados Unidos (1978) (Postel et al., 2018).

En las Américas, grandes regiones fueron reconocidas por la OMSA como libres de peste porcina clásica (antes de enero 2017), que comprende Canadá, Chile, Guayana

Francesa, México, EE. UU y varias provincias de Brasil (centro y sur). Desde 2014, EL VPPC todavía se notificó a la OMSA desde el Caribe (Cuba, República Dominicana y Haití), así como desde Bolivia, Colombia, Ecuador y Perú. Todo el continente africano no tiene estatus oficial de la OMSA. Sin embargo, hay informes oficiales sobre casos recientes de PPC (Postel et al., 2018).

En Ecuador, la Agencia de Regulación y Control Fito y Zoonosanitario ha implementado un plan de vacunación permanente contra la Peste Porcina Clásica dirigido a los porcinos. Este plan se lleva a cabo a través de brigadas de vacunación que operan en todo el territorio nacional. El Proyecto de Peste Porcina Clásica se compone de cinco componentes esenciales que incluyen la zonificación y el control de brotes, la educación y comunicación, la capacitación, la vigilancia epidemiológica y el diagnóstico, así como la vacunación y el control de movilidad. De esta manera, se desarrollan diversas actividades en territorio con el objetivo de controlar y erradicar esta enfermedad que puede resultar mortal para los animales afectados (AGROCALIDAD, 2021).

En el año 2019 se llevó a cabo una reestructuración del proyecto para fortalecer las actividades en cada componente, especialmente en el de vacunación, en colaboración con los operadores, las asociaciones pecuarias y los gremios porcicultores. La identificación de los porcinos está directamente relacionada con el control de movilidad en los centros de concentración animal, como las ferias comerciales y los mataderos, según la información proporcionada por AGROCALIDAD en el año 2021. Por lo tanto, la autoridad sanitaria trabaja de manera coordinada con los porcicultores para erradicar la peste porcina clásica en todo el país. Esto ha permitido mejorar la eficiencia de la producción y generar oportunidades comerciales para el sector (AGROCALIDAD, 2021).

4.9. Análisis espacial de enfermedades

Las epidemias provocan grandes pérdidas económicas y sociales, el análisis de los datos es un desafío estadístico y una herramienta importante que puede informar la posible presencia de enfermedades y reducir posibles pérdidas futuras (Zhang et al., 2022). El análisis epidemiológico es necesario para una mejor comprensión de la distribución espacial y temporal de las enfermedades (Fonseca et al., 2016).

El análisis espacial de datos es una metodología que se originó en la década de 1960 y se ha difundido globalmente. Su finalidad principal consiste en evaluar la idoneidad de una zona para llevar a cabo actividades específicas. Además, gracias a sus particularidades, es posible identificar modificaciones, evaluar amenazas, detectar patrones o prevenir pérdidas. La relevancia del análisis espacial es notable, puesto que,

con las más innovadoras herramientas y técnicas, se pueden obtener resultados mucho más precisos y exhaustivos que en décadas anteriores (Banerjee, 2016a).

Mediante los análisis espaciales podemos utilizar datos disponibles, y permite realizar análisis de conglomerados de enfermedades; predecir la propagación de enfermedades; evaluar alternativas de control; y básicamente hacer cosas que de otro modo un epidemiólogo no habría podido hacer y evitar muchos errores que de otro modo se podrían haber cometido (Carpenter, 2011).

En términos generales, el análisis espacial consta de cinco etapas fundamentales: definición del objetivo, preparación de los datos de ubicación espacial, que incluyen atributos importantes a considerar en estudios epidemiológicos; selección de herramientas y técnicas apropiadas de software espacial, realización del análisis y evaluación de los resultados obtenidos (Carpenter, 2011). Si bien la función básica es la visualización de los datos mediante mapas de colores, para obtener un conocimiento útil es necesario realizar un análisis exhaustivo de los mismos (Banerjee, 2016a).

Existen algunas metodologías para realizar análisis espaciales de enfermedades, estas pueden ser usadas en función de los objetivos específicos de un estudio y de fuentes de datos disponibles. Entre ellas tenemos:

- a) **Análisis de incidencia:** esta metodología se centra en la identificación de los patrones de incidencia de enfermedades en una determinada área geográfica, utilizando técnicas como la cartografía temática o la modelización de puntos de incidencia.
- b) **Análisis de riesgo:** este enfoque se concentra en identificar causas de riesgo que predisponen la presencia de la enfermedad en una región, utilizando herramientas como modelos de regresión logística o modelos Bayesianos.
- c) **Análisis de clúster:** este método busca identificar agrupaciones espaciales de casos de enfermedades, utilizando técnicas como el análisis de conglomerados espaciales.
- d) **Análisis de redes:** este enfoque utiliza técnicas de análisis de redes para investigar la distribución espacial de enfermedades y la relación entre los casos y otros factores relevantes, como la ubicación de establecimientos de salud o la presencia de vectores.
- e) **Análisis de dinámica espacial:** este método se enfoca en el análisis temporal de la distribución de enfermedades en una región, utilizando técnicas como la modelización de series temporales o la modelización de procesos espaciales.

El análisis espacial de peste porcina clásica sirve para entender la distribución geográfica de la enfermedad en una determinada área y comprobar la efectividad de acciones implementadas. Los análisis espaciales pueden ayudar a identificar las zonas que pueden estar en riesgo y a desarrollar estrategias de control y erradicación más eficaces (Banerjee, 2016a; A. Acosta et al., 2019).

Por ejemplo, los análisis espaciales pueden utilizarse para:

- a) Identificar las áreas de mayor incidencia de PPC y las características de las granjas infectadas.
- b) Identificar las características geográficas y ambientales que contribuyen a la propagación de la enfermedad.
- c) Determinar los resultados de un proceso de vacunación de los cerdos, la eliminación de los animales infectados, y la restricción de movimientos de los animales (A. J. Acosta et al., 2022).
- d) Identificar las zonas de alto riesgo para la PPC y desarrollar estrategias para prevenir y controlar la enfermedad en esas áreas (Jia et al., 2022).

Las investigaciones en análisis espacio-temporal de la peste porcina clásica son clave para entender mejor la dinámica del virus y desarrollar estrategias de control y erradicación más eficaces. Algunos proyectos recientes en este ámbito incluyen la utilización de análisis espaciales para identificar zonas de mayor riesgo de propagación y para desarrollar estrategias de control y erradicación en esas áreas.

Se han realizado investigaciones que evalúan los patrones espaciales y los factores de riesgo, incluidos los cerdos de traspatio, para la aparición de la peste porcina clásica en Bulgaria utilizando un modelo bayesiano (Martínez-López et al., 2014). O para analizar los conglomerados espacio-temporales para mejorar la vigilancia basada en el riesgo de la peste porcina clásica en Ecuador (A. Acosta et al., 2019).

También está un estudio de Peste Porcina Clásica en una Zona Cubana de Destino a la Erradicación: Agrupación Espacio-temporal y Factores de Riesgo (Fonseca-Rodríguez et al., 2020); otro de análisis de redes de movimientos de cerdos en Ecuador: Fortalecimiento de la vigilancia de la peste porcina clásica (A. J. Acosta et al., 2022) y una investigación sobre análisis espaciotemporal de los brotes de peste porcina clásica notificados en China (2005-2018) y la influencia del clima (Lu & Ward, 2022).

Estos estudios han utilizado modelos matemáticos y estadísticos para analizar los datos espaciales y temporales de PPC y hacer una predicción de la enfermedad en el futuro; se ha investigado la relación entre la distribución de PPC y la movilidad de los animales y la distancia entre granjas. El análisis espacio-temporal ha permitido dar

seguimiento a la dinámica de la enfermedad a lo largo del tiempo y evaluar los aciertos en las acciones de prevención implementadas (Banerjee, 2016b).

5. Metodología

5.1. El área de estudio

La investigación se llevó a cabo con datos del Ecuador, el mismo está ubicado en Sudamérica, posee cuatro regiones naturales. La Amazónica abarca el 45,5 % de su superficie y posee una gran reserva forestal, un 23,6 % corresponde a la región Sierra, la Costa el 27,5 % y 3,2 % corresponde a las Islas Galápagos (INEC, 2022). La división administrativa del país está conformada por 24 provincias, 221 cantones y 1.499 parroquias, que componen la organización territorial, ocupan un área de 256 370 km² y una población de 17 268 000 habitantes (INEC, 2022).

5.2. Recopilación de datos

Se utilizó bases de datos de Servicio Veterinario Oficial (SVO) que contenían: notificaciones de enfermedades porcinas, casos confirmados a peste porcina clásica, registro de establecimientos porcinos y registros de certificados de vacunación PPC. Estos datos pertenecen a la Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario del Ecuador (AGROCALIDAD, 2021).

La información es recopilada en territorio por el personal técnico durante la atención de un evento sanitario, esta vigilancia incluye la atención de notificaciones por parte del productor, y el reporte de sensores epidemiológicos certificados por AGROCALIDAD. El formulario utilizado permite recabar información sobre datos personales del usuario, datos del predio, información de la granja, y su georreferenciación. Además, se realiza una anamnesis para evaluar la presunción de enfermedad y se hace una reseña de los sucesos con la ayuda del productor.

Se lleva a cabo una evaluación clínica de animales que presentan problemas de salud, con el objetivo de confirmar presencia de la enfermedad, se realiza un muestreo en la que se obtiene suero, sangre entera y tejidos como bazo, pulmones, ganglios linfáticos, intestino y amígdalas, estas muestras se envían en función de la presunción de la posible enfermedad presente en la granja.

La información recopilada se registra en el Sistema de Información Zoosanitario del Ecuador (SIZSE), que permite dar seguimiento a cada visita y documentar las actividades realizadas durante el evento. Estos datos son extremadamente valiosos al momento de tomar decisiones.

Los resultados de laboratorio positivos a PPC antígeno, son revisados minuciosamente y se realiza una prueba de confirmación mediante PCR. En caso de que

el laboratorio confirme un resultado positivo para una enfermedad de declaración obligatoria se implementa un plan de emergencia para controlar los focos de infección. Mientras que, si los resultados son negativos, se realiza seguimiento y se recomiendan medidas de bioseguridad y control para prevenir problemas sanitarios.

Este algoritmo puede incluir la evaluación de síntomas clínicos, pruebas de laboratorio específicas y otros criterios relevantes, lo que facilita la comparabilidad y estandarización de los datos, así como la toma de decisiones basadas en evidencia durante el proceso de investigación de casos.

5.3. Procesamiento de datos y Análisis estadístico

Se llevó a cabo un análisis espacio-temporal prospectivo y retrospectivo, para investigar la relación entre la peste porcina clásica y su distribución geográfica y temporal. Se analizaron y se ordenaron registros de enero de 2019 a diciembre de 2021 para obtener información por parroquia y año, y se identificaron 415 notificaciones y 61 brotes de PPC.

En el estudio se incluyeron las ubicaciones geográficas de 1040 regiones administrativas del país (parroquias), que son la unidad territorial administrativa más pequeña (INEC, 2022), así como los 126 000 predios catastrados (AGROCALIDAD, 2021). Además, se utilizó un modelo de probabilidad de Poisson para realizar los análisis prospectivos y retrospectivos, determinando áreas con tasas bajas y altas agregadas por días. Se generó análisis con el 25 % y 50 % de la población en riesgo y se estableció un nivel de significancia de hasta el 0,05.

El análisis de conglomerados de espacio-tiempo se realizó utilizando el software SaTScan (versión 10.1 disponible gratuitamente, <http://www.satscan.org>), que se usa comúnmente para determinar conglomerados de espacio y tiempo en los campos de la salud pública (Kulldorff et al., 2005). La manipulación, limpieza y curado de datos fue realizada en el programa R V 3.4.4 y para la elaboración de mapas se utilizó Qgis V 3.22.4.

6. Resultados

6.1. Análisis descriptivo

La población porcina en Ecuador es aproximadamente de 2 408.474, según información del SVO (AGROCALIDAD, 2021). Existen alrededor de 173 335 productores, que están distribuidos en el sistema de producción porcina familiar e industrial, la mayor cantidad de animales se encuentran en las provincias de Santo Domingo, Santa Elena y Carchi para producciones industriales.

En la presente investigación se analizaron las áreas administrativas de 24 provincias, 490 cantones y 1 040 parroquias (IGME, 2022).

Los brotes de PPC se distribuyeron por año y por provincia como se muestra en la tabla 1.

Tabla 1 Número de brotes de Peste Porcina Clásica por provincia.

Provincias	Número de brotes PPC 2019	Número de brotes PPC 2020	Número de brotes PPC 2021	Total
Manabí	2	1	6	9
Los Ríos	8			8
Pichincha	2	3		5
Zamora Chinchipe	2		3	5
Morona Santiago	3	1		4
Guayas	2	1	1	4
Esmeraldas	1	2	1	4
Loja	1	1	2	4
Azuay	1	2		3
Cañar	2	1		3
Bolívar	2	1		3
Santa Elena		1	1	2
El Oro			2	2
Pastaza	2			2
Cotopaxi		1		1
Imbabura	1			1
Santo Domingo de los Tsáchilas		1		1
Total general	29	16	16	61

Fuente: AGROCALIDAD 2019-2022

6.2. Epidemias y brotes de Peste Porcina Clásica

Entre 2019 y 2021, se notificaron 415 síndromes de enfermedades porcinas, dentro de los cuales se diagnosticaron un total de 61 brotes positivos a PPC (WAHIS, 2022). Los brotes se distribuyeron: 30 en la región costa, 20 en la interandina y 11 en la amazonía (Figura 1).

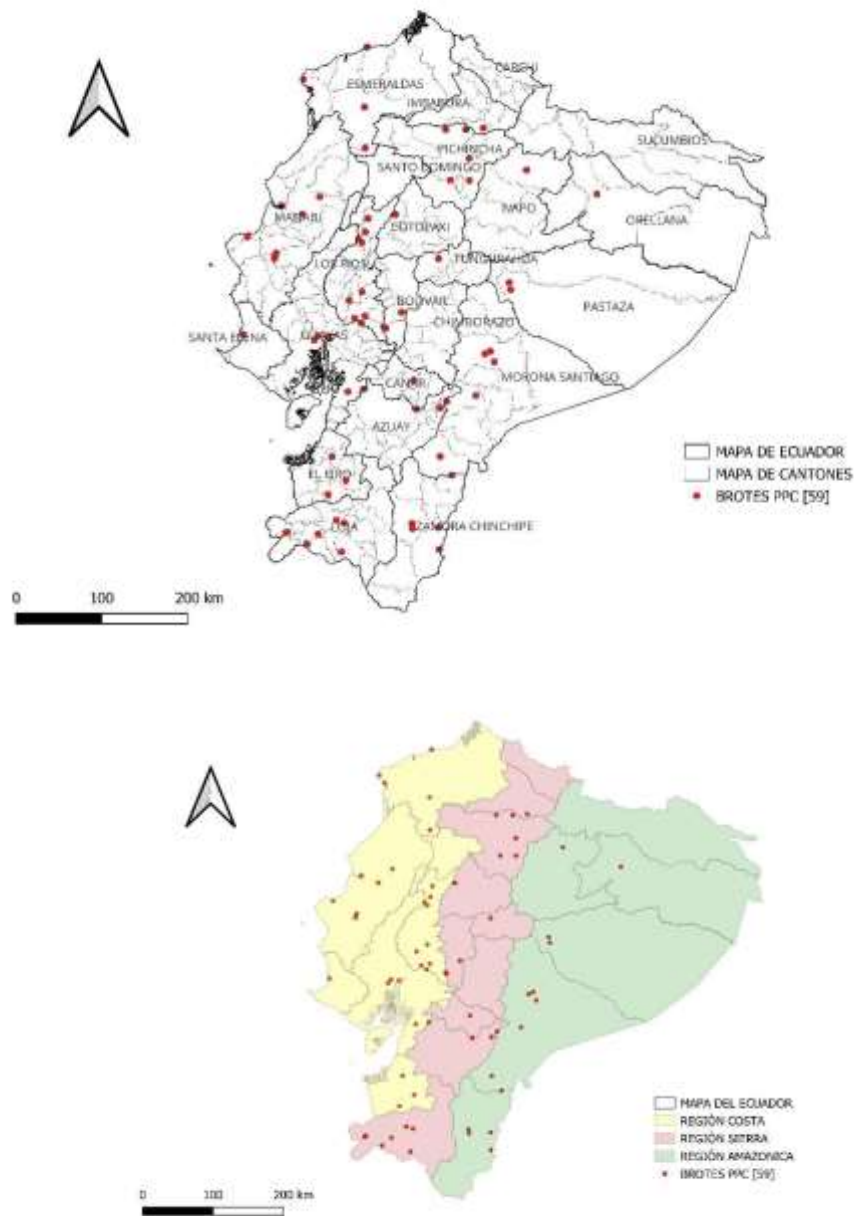


Figura 1 Brotes de peste porcina clásica en Ecuador, periodo 2019-2021.

6.3. Detección de conglomerados de Peste Porcina Clásica

6.3.1. Análisis prospectivo (50 % población en riesgo)

En el análisis prospectivo con el 50 % de la población en riesgo, se identificaron seis clústeres (Tabla 2).

Tabla 2 Detalle del análisis espacio temporal prospectivo (50 % población en riesgo).

Clúster Id	Tiempo Inicio	Tiempo fin	Tiempo mes	Radio km	Casos	Casos esperados	RR	Relación de verosimilitud logarítmica	P-valor
1	1/7/2020	31/12/2021	18	111.68	0	17.79	0	21.03	0.000017*
2	1/5/2021	31/12/2021	8	< 1	4	0.022	197.30	17.02	0.00038*
3	1/8/2021	31/12/2021	5	< 1	2	0.002	1042.34	11.86	0.023*
4	1/2/2021	31/12/2021	11	44.44	3	0.032	99.61	10.75	0.052*
5	1/9/2020	31/12/2020	4	< 1	2	0.011	184.22	8.40	0.277
6	1/7/2020	31/12/2020	6	48.43	4	0.29	14.60	6.88	0.625

(*) Estadísticamente significativos

El análisis identificó cuatro conglomerados espacio temporales estadísticamente significativos (Figura 2), se utilizó el 50 % de la población en riesgo, y se consideró el 0,05 de significancia.

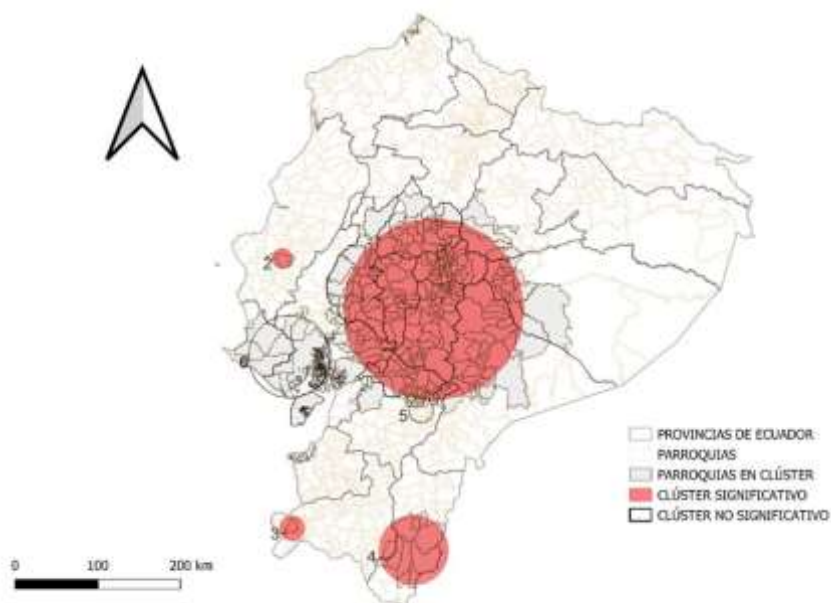


Figura 2 Detalle de Clústeres prospectivos espacio temporales (2019-2021), el análisis incluye el 50 % de población en riesgo.

El primer conglomerado (Clúster 1) se identificó en el centro del país, abarca 3 regiones y 10 provincias; región interandina, Cotopaxi, Cañar, Bolívar, Chimborazo y Tungurahua, región Amazónica, Napo, Pastaza y Morona Santiago y parte de la región litoral Guayas y Los Ríos. El marco de tiempo para este grupo es de 18 meses, entre el 1 de julio del 2020 al 31 de diciembre del 2021. El clúster alberga 62 182 unidades de producción distribuida en 274 parroquias, se identificaron 17.79 casos esperados, con un valor de $p < 0.000017$ (Figura 2).

El segundo conglomerado (Clúster 2) se identificó al occidente del país, en la región litoral, en la provincia de Manabí. El marco de tiempo para este grupo fue de 8 meses, entre el 1 de mayo al 31 de diciembre del 2021. El clúster alberga 137 unidades de producción distribuidas en 1 parroquia, se identificaron 4 casos. Los casos esperados fueron de 0.022, con un valor de $p < 0.00038$ (Figura 2).

El tercer conglomerado (Clúster 3) se identificó al sur del país, región interandina, en la provincia de Loja. El marco de tiempo para este grupo fue de 5 meses, entre el 1 de agosto al 31 de diciembre del 2021. El Clúster alberga 66 unidades de producción, se identificaron 2 casos. Los casos esperados fueron de 0.0020, con un valor de $p < 0.023$ (Figura 2).

El cuarto conglomerado se identificó en la parte sur oriental del país, en la amazonía, en Zamora Chinchipe. El marco de tiempo para este grupo fue de 11 meses, entre el 1 de febrero al 31 de diciembre del 2021. El tamaño del clúster es de 44.44 km, alberga 180 unidades de producción distribuidas en 9 parroquias, se identificaron 3 casos. Los casos esperados fueron de 0.032, con un valor de $p < 0.052$ (Figura 2).

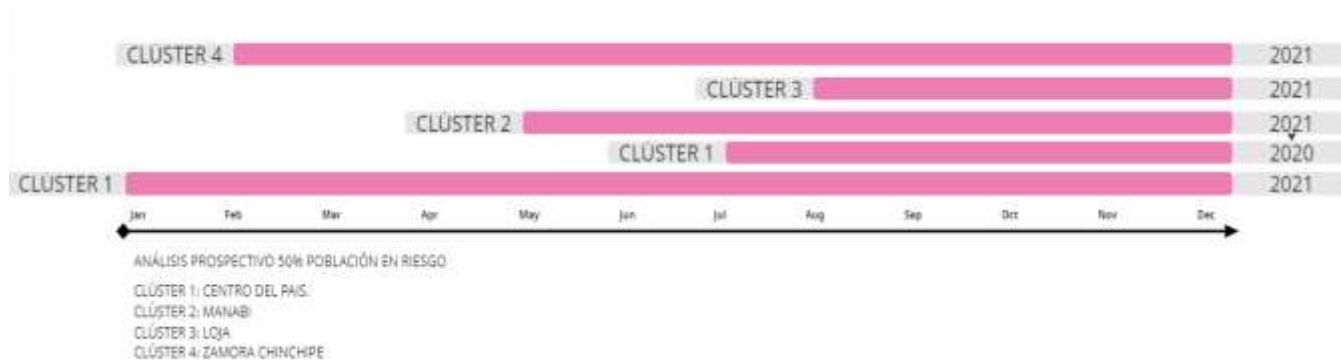


Figura 3 Línea del tiempo de clústeres activos en análisis prospectivo, con el 50 % de población en riesgo.

6.3.2. Análisis prospectivo (25 % población en riesgo)

En el análisis prospectivo con el 25 % de la población en riesgo, se identificaron ocho conglomerados (Tabla 3).

Tabla 3 Detalle del análisis espacio temporal prospectivo (25 % población en riesgo).

Clúster Id	Tiempo inicio	Tiempo fin	Tiempo mes	Radio km	Casos	Casos esperados	RR	Relación de verosimilitud logarítmica	P-valor
1	1/5/2021	31/12/2021	8	< 1	4	0.022	197.3	17.02	0.00028*
2	1/8/2021	31/12/2021	5	< 1	2	0.002	1042.34	11.86	0.018*
3	1/2/2021	31/12/2021	11	44.44	3	0.032	99.61	10.75	0.041*
4	1/7/2020	31/12/2021	18	85.29	0	9.04	0	9.78	0.08
5	1/7/2020	31/12/2021	6	46.88	0	8.94	0	9.66	0.09
6	1/9/2020	31/12/2021	16	< 1	2	0.011	184.22	8.40	0.25
7	1/7/2020	31/12/2021	18	48.43	4	0.29	14.6	6.88	0.598
8	1/1/2021	31/12/2021	12	118.22	0	4.55	0	4.73	0.985

(*) Estadísticamente significativos

El análisis identificó tres conglomerados estadísticamente significativos, se utilizó el 25 % de la población en riesgo, además se incluyó el 0.05 de significancia (Figura 4).

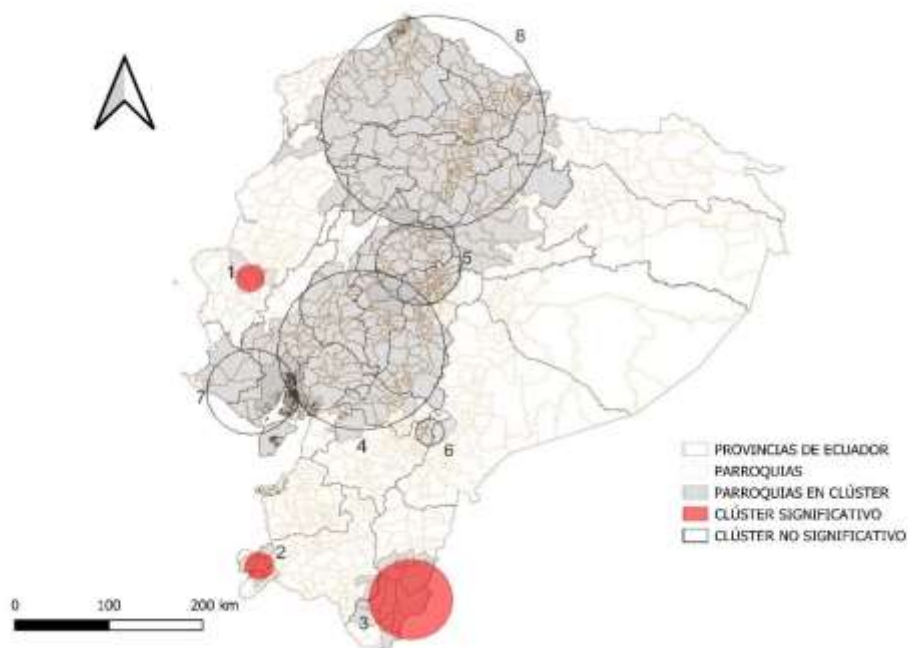


Figura 4 Detalle de clústeres prospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 25 % de población en riesgo.

El primer conglomerado (Clúster 1) se identificó al occidente del país, en la región litoral, en la provincia de Manabí. El marco de tiempo para este grupo fue de 8 meses, entre el 1 de mayo al 31 de diciembre del 2021. El clúster alberga 137 unidades de producción distribuidas en 1 parroquia, se identificaron 4 casos. Los casos esperados fueron de 0.022, con un valor de $p < 0.00028$ (Figura 4).

El segundo conglomerado (Clúster 2) se identificó al sur del país, región interandina, en la provincia de Loja. El marco de tiempo para este grupo fue de 5 meses, entre el 1 de agosto al 31 de diciembre del 2021. El clúster alberga 66 unidades de producción distribuidas en 1 parroquia, se identificaron 2 casos. Los casos esperados fueron de 0.0020, con un valor de $p < 0.018$ (Figura 4).

El tercer conglomerado (Clúster 3) se identificó al sur oriental del país, en la región amazónica, en la provincia de Zamora Chinchipe. El marco de tiempo para este grupo fue de 11 meses, entre el 1 de febrero al 31 de diciembre del 2021. El tamaño del clúster es de 44.44 km, alberga 180 unidades de producción distribuidas en 9 parroquias, se identificaron 3 casos. Los casos esperados fueron de 0.032, con un valor de $p < 0.041$.

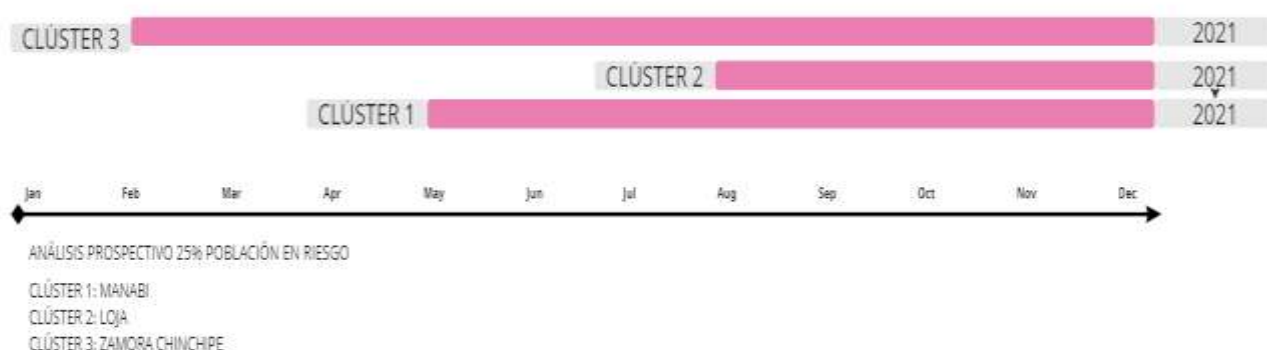


Figura 5 Línea del tiempo de clústeres activos en análisis prospectivo, con el 25 % de población en riesgo.

6.3.3. *Análisis retrospectivo (50 % población en riesgo)*

En el análisis retrospectivo con el 50 % de la población en riesgo, se identificaron siete clústeres (Tabla 4).

Tabla 4 Detalle del análisis espacio temporal retrospectivo (50 % población en riesgo).

Clúster Id	Tiempo Inicio	Tiempo fin	Tiempo mes	Radio km ²	Casos	Casos esperados	RR	Relación de verosimilitud logarítmica	P-valor
1	1/7/2020	31/12/2021	18	111,68	0	17,79	0	21.03	0.000083*
2	1/5/2021	31/8/2021	4	< 1	4	0,011	393,07	19.76	0.00024*
3	1/8/2021	30/9/2021	2	< 1	2	0,00079	2614,5	13.70	0.034*
4	1/9/2020	31/10/2020	2	< 1	2	0,0015	1397,3	12.45	0.093
5	1/4/2019	31/12/2019	9	40,32	6	0,33	20,26	12.06	0.124
6	1/2/2019	28/2/2019	1	< 1	2	0,0021	973,25	11.72	0.166
7	1/2/2021	31/10/2021	9	44,44	3	0,026	121,88	11.35	0.218

(*) Estadísticamente significativos

El análisis identificó tres conglomerados estadísticamente significativos, utilizando el 50 % de la población en riesgo, se incluyó el 0.05 de significancia (Figura 6).

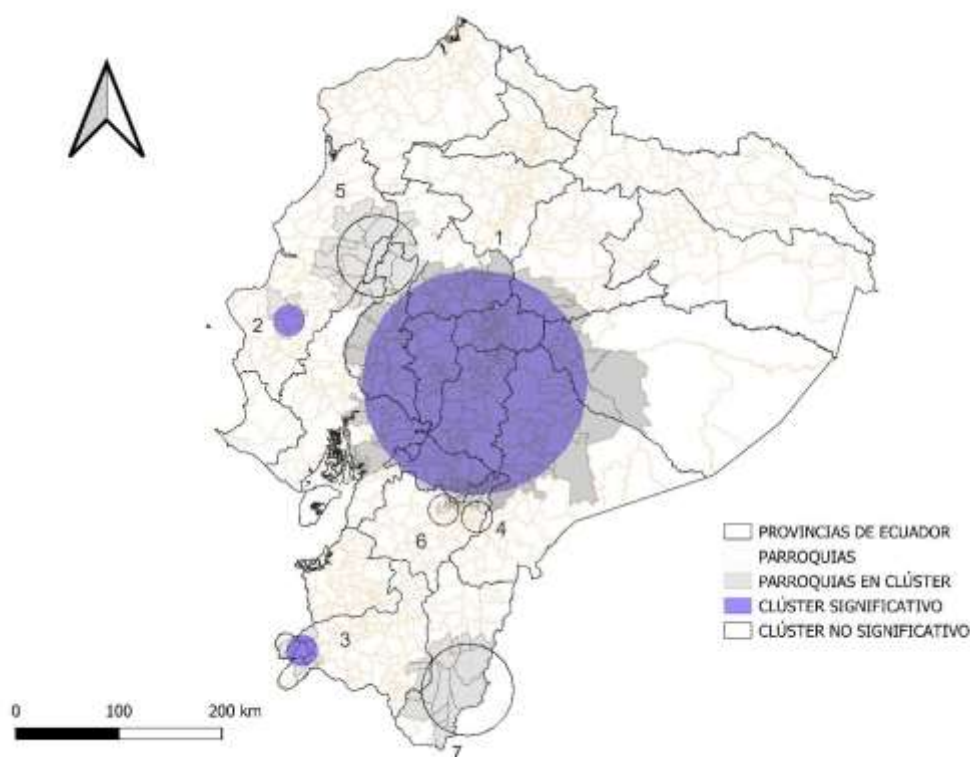


Figura 6 Detalle de clústeres retrospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 50 % de población en riesgo.

El primer conglomerado (Clúster 1) se identificó en el centro del país, abarca las regiones litoral e interandina, alberga las provincias Chimborazo, Bolívar, Cotopaxi, Tungurahua, Cañar, Guayas, y Los Ríos. El marco de tiempo para este grupo fue de 18

meses, entre el 1 de julio del 2020 al 31 de diciembre del 2021. El clúster abarca 62182 unidades de producción, se identificaron 0 casos. Los casos esperados fueron de 17.79, con un valor de $p < 0.000083$ (Figura 6).

El segundo conglomerado (Clúster 2) se identificó en la región litoral, en la provincia de Manabí. El marco de tiempo para este grupo fue de 4 meses, entre el 1 de mayo al 31 de agosto del 2021. El clúster alberga 137 unidades de producción, se identificaron 4 casos. Los casos esperados fueron de 0.011, con un valor de $p < 0.00024$ (Figura 6).

El tercer conglomerado (Clúster 3) se identificó al sur del país, región interandina, en la provincia de Loja. El marco de tiempo para este grupo fue de 2 meses, entre el 1 de agosto al 30 de septiembre del 2021. El clúster alberga 66 unidades de producción, se identificaron 2 casos. Los casos esperados fueron de 0.00079, con un valor de $p < 0.034$ (Figura 6).

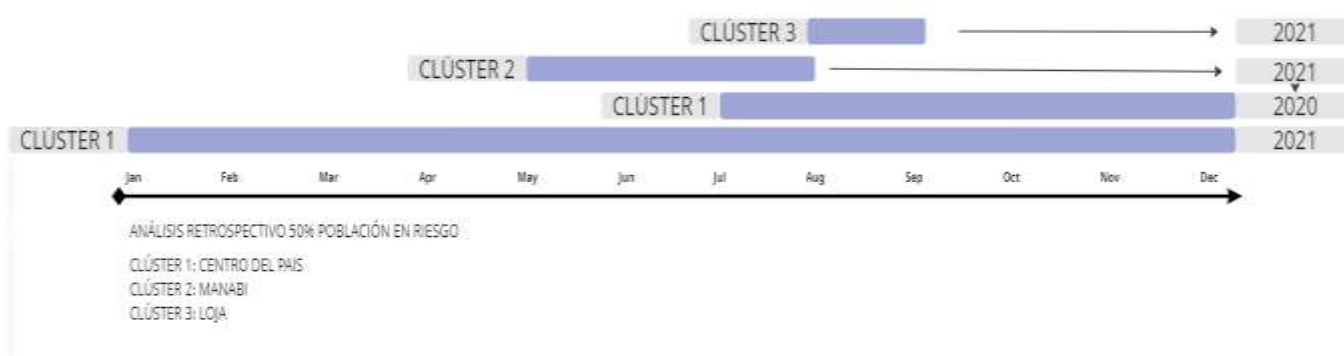


Figura 7 Línea del tiempo de clústeres activos en análisis retrospectivo, con el 50 % de población en riesgo.

6.3.4. Análisis retrospectivo (25 % población en riesgo).

En el análisis retrospectivo con el 25% de la población en riesgo, se identificaron nueve conglomerados (Tabla 5).

Tabla 5 Detalle de análisis espacio temporal retrospectivo (25 % población en riesgo).

Clúster Id	Tiempo inicio	Tiempo fin	Tiempo mes	Radio km	Casos	Casos esperados	RR	Relación de verosimilitud logarítmica	P-valor
1	1/5/2021	31/8/2021	4	< 1	4	0.011	393.07	19.76	0.00024*
2	1/1/2019	30/9/2019	9	40.79	7	0.27	29.69	16.56	0.0031*
3	1/8/2019	31/10/2020	15	49.57	6	0.15	44.17	16.56	0.0031*
4	1/8/2021	30/9/2021	2	< 1	2	0.00079	2614.46	13.70	0.032*
5	1/4/2019	31/12/2019	9	43.88	6	0.29	23.11	12.81	0.059
6	1/2/2019	28/2/2019	1	31.11	3	0.02	156.75	12.10	0,111
7	1/2/2021	31/10/2021	9	44.44	3	0.026	121.88	11.35	0,191
8	1/7/2020	31/12/2021	18	47.49	0	9	0	9.73	0.542
9	1/10/2020	31/10/2020	1	67.98	2	0.03	70.05	6.49	0.998

(*) Estadísticamente significativos

El análisis identificó cuatro conglomerados estadísticamente significativos, con el 25 % de la población en riesgo, adicionalmente se incluyó el 0.05 de significancia (Figura 8).

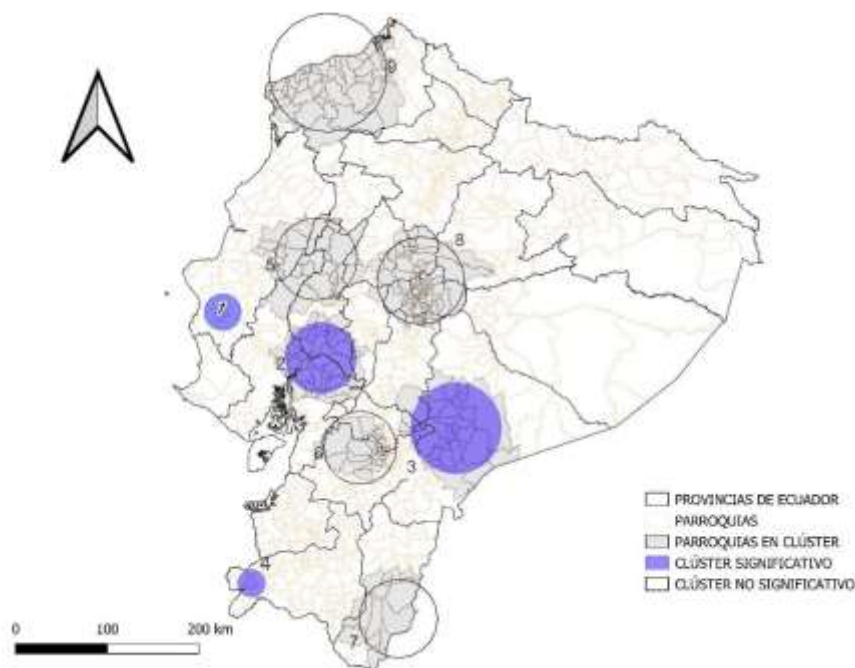


Figura 8 Detalle de clústeres retrospectivos espacio temporal (2019-2021), el análisis incluye el 25 % de población en riesgo.

El primer conglomerado (Clúster 1) se identificó al occidente del país, en la región litoral, en la provincia de Manabí. El marco de tiempo para este grupo fue de 4 meses, entre el 1 de mayo al 31 de agosto del 2021. El clúster abarca 137 unidades de producción, se

identificaron 4 casos. Los casos esperados fueron de 0.011, con un valor de $p < 0.00024$ (Figura 8).

El segundo conglomerado (Clúster 2) se identificó en el centro del país, región litoral, abarca las provincias del Guayas y Los Ríos, tiene un radio de extensión de 44.79 km². El marco de tiempo para este grupo fue de 9 meses, entre el 1 enero al 30 de septiembre del 2019. El clúster alberga 4256 unidades de producción, se identificaron 7 casos. Los casos esperados fueron de 0.27, con un valor de $p < 0.0031$ (Figura 8).

El tercer conglomerado (Clúster 3) se identificó predominando el centro sur del país, región amazónica, en la provincia de Morona Santiago y parte de la región interandina Azuay, Cañar y Chimborazo, tiene un radio de extensión de 49.57 km. El marco de tiempo para este grupo fue de 15 meses, entre el 1 de agosto del 2019 al 31 de octubre del 2020. El clúster alberga 742 unidades de producción, se identificaron 6 casos. Los casos esperados fueron de 0.15, con un valor de $p < 0.0031$ (Figura 8).

El cuarto conglomerado (Clúster 4) se identificó al sur del país, en la región interandina, en la provincia de Loja. El marco de tiempo para este grupo fue de 2 meses, entre el 1 de agosto al 30 de septiembre del 2021, alberga 66 unidades de producción, se identificaron 2 casos. Los casos esperados fueron de 0.00079, con un valor de $p < 0.032$



Figura 9 Línea del tiempo de clústeres activos en análisis retrospectivo, con el 25 % de población en riesgo.

7. Discusión

Durante el periodo 2019 al 2021, se notificaron 415 casos presuntivos a peste porcina clásica en Ecuador, confirmándose 61 brotes de la enfermedad, La región litoral registró 30 brotes, interandina 20 y amazonia 11. El reporte de los brotes fue registrado en el 80% de las provincias del país, principalmente, en los meses de agosto y septiembre.

Al comparar estos resultados con el estudio realizado en Cuba por Fonseca-Rodríguez et al., (2020), Ecuador por Acosta et al., (2019) y Martínez-López et al., (2014) en Bulgaria, se puede evidenciar una disminución notable en el número de casos. Posiblemente se deba a las estrategias de vacunación, educación y concientización de los productores y/o controles en ferias, camales y carreteras, esto podría significar que los esfuerzos mejoraron, pero no al punto de llevar la fase a la erradicación (Isoda et al., 2020).

El análisis espacio-temporal ha sido ampliamente utilizado en el campo de la salud humana, (Gundersen et al., 2020; Lalangui et al., 2022; Nascimento, 2020). Sin embargo, en el contexto de la salud animal, especialmente en enfermedades porcinas, su aplicación y repercusión han sido limitadas, lo que ha resultado en un número reducido de estudios al respecto. Además, la complejidad por la integración de datos epidemiológicos, geográficos y temporales puede representar un desafío para los investigadores y limitar su implementación en el campo de la salud animal. Según Mur et al., (2016) la falta de disponibilidad de datos adecuados y estandarizados también puede dificultar la aplicación de este tipo de análisis en enfermedades porcinas.

En el presente estudio, los porcentajes del 25 % y 50 % de la población en riesgo no reflejan la cobertura de vacunación de cerdos. Estos porcentajes se utilizaron para definir grupos de riesgo en el análisis mediante el programa SaTScan, con el objetivo de identificar conglomerados significativos de casos de peste porcina y evaluar patrones espacio temporales de la enfermedad. Como señala el autor Acharya et al., (2016), el programa SaTScan permite realizar análisis considerando diferentes porcentajes de población en riesgo, lo que proporciona una flexibilidad en la selección de grupos para el estudio.

En el 2021, según datos de AGROCALIDAD, (2021) se reportó una cobertura de vacunación en Ecuador del 80 %. Por lo que se puede considerar que los análisis realizados se asemejan más a la realidad con el 50 % de la población en riesgo. Esto da a entender que, al no tener una información precisa de la cantidad de animales en el país, se puede asumir que la información de la vacunación no estaría considerando a la población total de porcinos en Ecuador, por lo que implementar estrategias efectivas en lugares no habituales, sería de gran ayuda en la sanidad porcina.

En el análisis prospectivo, se ha constatado un número mayor de casos esperados (17.79) en comparación con los casos observados. Esta disparidad se explica por la capacidad del análisis para predecir los posibles casos futuros (Chaudhry et al., 2017; Hurd & Kaneene, 1990). En el estudio, se han identificado cuatro clústeres significativos, utilizando el 50 % de la población en riesgo, destacando un clúster de gran tamaño en el centro del país, Clúster 1, que engloba varias provincias como Chimborazo, Bolívar, Cotopaxi, Tungurahua, Cañar, Guayas y Los Ríos. Asimismo, se han identificado otros clústeres, en Manabí (clúster 2), Loja (clúster 3) y Zamora Chinchipe (clúster 4), los cuales representan una preocupación debido a sus niveles de exposición de la población en riesgo. Podría deberse a que estos clústeres se encuentran en zonas de gran presencia de animales traspatio, provincias fronterizas donde la producción de animales es realizada de forma extensiva y/o, gran probabilidad de alimentación con desperdicios. Los hallazgos encontrados brindan una perspectiva sobre el comportamiento del virus y nos orientan a posibles eventos futuros y las estrategias para abordarlos.

Es importante resaltar que el análisis revela una reducción del porcentaje de población en riesgo, pasando del 50 % al 25 %. Esto indica que, al disminuir la población en riesgo y mejorar los controles de la enfermedad, el conglomerado de gran tamaño observado en el centro del país se eliminó. No obstante, persisten clústeres más pequeños, como los de Manabí, Loja y Zamora Chinchipe, los cuales continúan representando un desafío durante la fase de erradicación de la enfermedad. Los resultados del presente estudio concuerdan con, Johnson et al. (2021) quienes demostraron que una disminución en la población en riesgo y la implementación de medidas de control eficaces pueden llevar a una reducción significativa en los clústeres de alta magnitud.

En la investigación también se ha encontrado que, en el análisis retrospectivo existe una mayor cantidad de casos observados que esperados, en las provincias de Manabí se identificó 4 casos, Loja y Azuay con 2 casos, sin embargo, esto no ocurre cuando analizamos la información de la mayor cantidad de casos de la región amazónica, donde no se detectaron clústeres espacio temporales. Esto podría deberse a la presencia de eventos aislados donde la densidad poblacional no está relacionada directamente con la enfermedad o pudiera haberse presentado por movimientos de animales desde zonas donde existe riesgo (Fèvre et al., 2006).

El análisis retrospectivo, reveló la existencia de tres conglomerados significativos. El Clúster 1 abarca varias provincias en la zona central del país, como Chimborazo, Bolívar, Cotopaxi, Tungurahua, Cañar, Guayas y Los Ríos. Según los resultados, esta área muestra una presencia significativa de producción traspatio en la provincia de Cotopaxi, así como producción industrial en las provincias de Guayaquil y Cañar. El Clúster 2 se localiza en la provincia de Manabí, mientras que el Clúster 3 se encuentra en la provincia de Loja que

corresponde a la frontera sur. Estos hallazgos demuestran una distribución geográfica diferente, en comparación con investigaciones anteriores realizadas por A. Acosta et al., (2019). Se observa la inclusión de nuevas provincias en los conglomerados durante el periodo de estudio, lo cual indica cambios en la expansión y propagación de la peste porcina a lo largo del tiempo, por lo que existe la necesidad de una vigilancia continua, revisión de estrategias e implementación de medidas preventivas en las áreas afectadas (Iglesias et al., 2017).

Este estudio demuestra que la infección tiende a establecer conglomerados endémicos de infección, especialmente en cerdos domésticos. Clúster sobre los 100 km son considerados de mayor riesgo y deberían coordinar actividades entre provincias para evitar propagación de la enfermedad (Kolbasov et al., 2018). En nuestro estudio identificó un grupo con radio de 111,68 km.

Si bien el SVO realiza controles en notificaciones, brotes y vigilancia, esto está supeditado a la forma como lo realiza. Las sub-notificaciones y el enfoque únicamente al evento hace referencia a un control elemental, al no realizar un seguimiento más profundo o se constata la verdadera razón de su origen, que puede ser una bomba de tiempo. Los análisis realizados en la presente investigación pueden ser una herramienta eficaz a la hora de tomar decisiones basadas en evidencia y servir para la construcción de políticas públicas para mejorar actividades de control en sanidad porcina.

8. Conclusiones

Existe variabilidad en el número de brotes de PPC en diferentes provincias del país. Las provincias de Manabí y Los Ríos han experimentado la mayor incidencia de brotes, con un total de 9 y 8 casos respectivamente, por el contrario, Santa Elena, El Oro, Pastaza, Cotopaxi, Imbabura y Santo Domingo de los Tsáchilas han presentado un rango de 1 a 2 casos cada una. Por lo que, se destaca la importancia de un monitoreo continuo, con el objetivo de prevenir la propagación de la PPC y minimizar su impacto negativo en la industria porcina del país.

En el análisis prospectivo identificó 4 conglomerados significativos y que representan una zona de riesgo, el centro del país (Clúster 1), Manabí (Clúster 2), Loja (Clúster 3), y Zamora Chinchipe (Clúster 4), y que deben ser tomados en cuenta en las estrategias de control, para reducir el impacto de los brotes

En el análisis retrospectivo se identificó 3 conglomerados significativos, el centro del país (Clúster 1) que se mantuvo activo durante 18 meses, Manabí (Clúster 2) y Loja (Clúster 3), se deben mejorar las actividades de control que se desarrollan en campo.

9. Recomendaciones

Promover la sensibilización y capacitación en PPC, sobre todo en zonas con conglomerados significativos identificados en el centro del país, Manabí, Loja y Zamora Chinchipe, además, desarrollar materiales educativos específicos concientizar sobre los riesgos de la enfermedad y las medidas de prevención y control.

Realizar el control de la enfermedad en conglomerados de gran dimensión. Si bien el análisis indica que la reducción del porcentaje de población en riesgo de un 50 % a un 25 %, estos conglomerados pueden representar un problema durante la fase de control de la enfermedad.

Verificar las actividades vigilancia y vacunación en clústeres que mantuvieron su infecciosidad por más ocho meses, además, se debe fortalecer la vigilancia epidemiológica en estas zonas, mediante la recolección sistemática de datos y la implementación de medidas de detección temprana. La vacunación también debe ser intensificada, asegurando una cobertura adecuada y oportuna en estas áreas.

Realizar investigaciones en poblaciones de cerdos libres o traspatio en el cordón fronterizo las provincias de Loja y Zamora Chinchipe. Estos animales pueden representar un foco de infección y es necesario comprender mejor su papel en la propagación de la enfermedad.

10. Bibliografía

- Acharya, B. K., Cao, C., Lakes, T., Chen, W., & Naeem, S. (2016). Spatiotemporal analysis of dengue fever in Nepal from 2010 to 2014. *BMC Public Health*, *16*(1), 849. <https://doi.org/10.1186/s12889-016-3432-z>
- Acosta, A. J., Cardenas, N. C., Pisuna, L. M., Galvis, J. A., Vinueza, R. L., Vasquez, K. S., Grisi-Filho, J. H., Amaku, M., Gonçalves, V. S., & Ferreira, F. (2022). Network analysis of pig movements in Ecuador: Strengthening surveillance of classical swine fever. *Transboundary and Emerging Diseases*, *69*(5), e2898-e2912. <https://doi.org/10.1111/tbed.14640>
- Acosta, A., Pisuna, L., Vasquez, S., & Ferreira, F. (2019). Space-time cluster analysis to improve classical swine fever risk-based surveillance in Ecuador. *Frontiers in Veterinary Science*, *6*. <https://doi.org/10.3389/conf.fvets.2019.05.00108>
- Banerjee, S. (2016a). Spatial Data Analysis. *Annual Review of Public Health*, *37*(1), 47-60. <https://doi.org/10.1146/annurev-publhealth-032315-021711>
- Beer, M., Goller, K. V., Staubach, C., & Blome, S. (2015). Genetic variability and distribution of Classical swine fever virus. *Animal Health Research Reviews*, *16*(1), 33-39. <https://doi.org/10.1017/S1466252315000109>
- Blacksell, S. D., Khounsy, S., & Westbury, H. A. (2004). The effect of sample degradation and RNA stabilization on classical swine fever virus RT-PCR and ELISA methods. *Journal of Virological Methods*, *118*(1), 33-37. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2004.01.015>
- Blome, S., Staubach, C., Henke, J., Carlson, J., & Beer, M. (2017b). Classical Swine Fever- An Updated Review. *Viruses*, *9*(4), E86. <https://doi.org/10.3390/v9040086>
- Bohórquez, J. A., Wang, M., Pérez-Simó, M., Vidal, E., Rosell, R., & Ganges, L. (2019). Low CD4/CD8 ratio in classical swine fever postnatal persistent infection generated at 3 weeks after birth. *Transboundary and Emerging Diseases*, *66*(2), 752-762. <https://doi.org/10.1111/tbed.13080>
- Brown, V. R., Miller, R. S., McKee, S. C., Ernst, K. H., Didero, N. M., Maison, R. M., Grady, M. J., & Shwiff, S. A. (2021). Risks of introduction and economic consequences

associated with African swine fever, classical swine fever and foot-and-mouth disease: A review of the literature. *Transboundary and Emerging Diseases*, 68(4), 1910-1965. <https://doi.org/10.1111/tbed.13919>

Cantelles Garcia, Y., Alfonso, P., Sánchez, J., Santoro, K., Fonseca Rodríguez, O., Fernández-Limia, O., Cabeza, L., Blanco, M., Montano, D., Ley García, O., Abreu Jorge, Y., Delgado, B., & Percedo, M. (2019). *Actualización del comportamiento espacial de peste porcina clásica en Pinar del Río, 2009-2018 [Update on the spatiotemporal distribution of classical swine fever in Pinar del Río, 2009-2018]*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.18490.85443>

Carpenter, T. E. (2011). The spatial epidemiologic (r)evolution: A look back in time and forward to the future. *Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology*, 2(3), 119-124. <https://doi.org/10.1016/j.sste.2011.07.002>

Coronado, L., Perera, C. L., Rios, L., Frías, M. T., & Pérez, L. J. (2021b). A Critical Review about Different Vaccines against Classical Swine Fever Virus and Their Repercussions in Endemic Regions. *Vaccines*, 9(2), 154. <https://doi.org/10.3390/vaccines9020154>

Coronado, L., Rios, L., Frías, M. T., Amarán, L., Naranjo, P., Percedo, M. I., Perera, C. L., Prieto, F., Fonseca-Rodriguez, O., & Perez, L. J. (2019). Positive selection pressure on E2 protein of classical swine fever virus drives variations in virulence, pathogenesis and antigenicity: Implication for epidemiological surveillance in endemic areas. *Transboundary and Emerging Diseases*, 66(6), 2362-2382. <https://doi.org/10.1111/tbed.13293>

de Carvalho Ferreira, H. C., Backer, J. A., Weesendorp, E., Klinkenberg, D., Stegeman, J. A., & Loeffen, W. L. A. (2013). Transmission rate of African swine fever virus under experimental conditions. *Veterinary Microbiology*, 165(3), 296-304. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.03.026>

Dewulf, J., Laevens, H., Koenen, F., Mintiens, K., & de Kruif, A. (2002). An experimental infection to investigate the indirect transmission of classical swine fever virus by excretions of infected pigs. *Journal of Veterinary Medicine. B, Infectious Diseases and Veterinary Public Health*, 49(9), 452-456. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0450.2002.00593.x>

- Edwards, S., Fukusho, A., Lefèvre, P.-C., Lipowski, A., Pejsak, Z., Roehe, P., & Westergaard, J. (2000b). Classical swine fever: The global situation. *Veterinary Microbiology*, 73(2), 103-119. [https://doi.org/10.1016/S0378-1135\(00\)00138-3](https://doi.org/10.1016/S0378-1135(00)00138-3)
- Floegel-Niesmann, G., Bunzenthal, C., Fischer, S., & Moennig, V. (2003). Virulence of recent and former classical swine fever virus isolates evaluated by their clinical and pathological signs. *Journal of Veterinary Medicine. B, Infectious Diseases and Veterinary Public Health*, 50(5), 214-220. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0450.2003.00663.x>
- Fonseca, O., Coronado, L., Amarán, L., Perera, C. L., Centelles, Y., Montano, D. N., Alfonso, P., Fernández, O., Santoro, K. R., Frías-Lepoureau, M. T., & Percedo, M. I. (2018). Descriptive epidemiology of endemic Classical Swine Fever in Cuba. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 16(2), Article 2. <https://doi.org/10.5424/sjar/2018162-12487>
- Fonseca, O., Santoro, K. R., Abeledo, M. A., Capdevila, Y., Fernández, O., Alfonso, P., Ayala, J., & Percedo, M. I. (2016). Spatiotemporal distribution of classical swine fever in Cuba, 2007—2013. *Revista de Salud Animal*, 38(1), Article 1. <http://revistas.censa.edu.cu/index.php/RSA/article/view/699>
- Fonseca-Rodríguez, O., Centelles García, Y., Alfonso Zamora, P., Ferrer-Miranda, E., Montano, D. de las N., Blanco, M., Gutiérrez, Y., Calistri, P., Santoro, K. R., & Percedo, M. I. (2020). Classical Swine Fever in a Cuban Zone Intended for Eradication: Spatiotemporal Clustering and Risk Factors. *Frontiers in Veterinary Science*, 7. <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2020.00038>
- Ganges, L., Crooke, H. R., Bohórquez, J. A., Postel, A., Sakoda, Y., Becher, P., & Ruggli, N. (2020a). Classical swine fever virus: The past, present and future. *Virus Research*, 289, 198151. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2020.198151>
- Garrido Haro, A. D., Barrera Valle, M., Acosta, A., & J. Flores, F. (2018). Phylodynamics of classical swine fever virus with emphasis on Ecuadorian strains. *Transboundary and Emerging Diseases*, 65(3), 782-790. <https://doi.org/10.1111/tbed.12803>

- Gómez-Vázquez, J. P., Quevedo-Valle, M., Flores, U., Portilla Jarufe, K., & Martínez-López, B. (2019). Evaluation of the impact of live pig trade network, vaccination coverage and socio-economic factors in the classical swine fever eradication program in Peru. *Preventive Veterinary Medicine*, 162, 29-37. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2018.10.019>
- Greiser-Wilke, I., Blome, S., & Moennig, V. (2007). Diagnostic methods for detection of Classical swine fever virus—Status quo and new developments. *Vaccine*, 25(30), 5524-5530. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2006.11.043>
- Grummer, B., Fischer, S., Depner, K., Riebe, R., Blome, S., & Greiser-Wilke, I. (2006). Replication of classical swine fever virus strains and isolates in different porcine cell lines. *DTW. Deutsche Tierärztliche Wochenschrift*, 113(4), 138-142.
- Gunderson, A. K., Kumar, R. E., Recalde-Coronel, C., Vasco, L. E., Valle-Campos, A., Mena, C. F., Zaitchik, B. F., Lescano, A. G., Pan, W. K., & Janko, M. M. (2020). Malaria Transmission and Spillover across the Peru-Ecuador Border: A Spatiotemporal Analysis. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(20), 7434. <https://doi.org/10.3390/ijerph17207434>
- Jia, Y., Han, S., Hou, J., Wang, R., Li, G., Su, S., Qi, L., Wang, Y., Du, L., Sun, H., Hao, S., Feng, C., Wang, Y., Liu, X., Zou, Y., Zhang, Y., Li, D., & Wang, T. (2022). Spatial Epidemiological Analysis of Keshan Disease in China. *Annals of Global Health*, 88(1), 79. <https://doi.org/10.5334/aogh.3836>
- Kolbasov, D., Titov, I., Tsybanov, S., Gogin, A., & Malogolovkin, A. (2018). African Swine Fever Virus, Siberia, Russia, 2017. *Emerging Infectious Diseases*, 24(4), 796-798. <https://doi.org/10.3201/eid2404.171238>
- Lalangui, K., Rivadeneira Maya, K., Sánchez-Carrillo, C., Sosa Cortéz, G., & Quentin, E. (2022). The spatio-temporal dynamics of infant mortality in Ecuador from 2010 to 2019. *BMC Public Health*, 22(1), 1841. <https://doi.org/10.1186/s12889-022-14242-1>
- Lu, X., & Ward, M. P. (2022). Spatiotemporal analysis of reported classical swine fever outbreaks in China (2005-2018) and the influence of weather. *Transboundary and Emerging Diseases*, 69(5), e3183-e3195. <https://doi.org/10.1111/tbed.14452>

- M. Rout & G. Saikumar. (2012). Pathology of classical swine fever in slaughtered pigs. *Indian Journal of Veterinary Pathology*, 36(2), 136-142.
- Martínez-López, B., Alexandrov, T., Mur, L., Sánchez-Vizcaíno, F., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2014). Evaluation of the spatial patterns and risk factors, including backyard pigs, for classical swine fever occurrence in Bulgaria using a Bayesian model. *Geospatial Health*, 8(2), 489-501. <https://doi.org/10.4081/gh.2014.38>
- Moennig, V. (2015). The control of classical swine fever in wild boar. *Frontiers in Microbiology*, 6, 1211. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01211>
- Moennig, V., Floegel-Niesmann, G., & Greiser-Wilke, I. (2003). Clinical signs and epidemiology of classical swine fever: A review of new knowledge. *Veterinary Journal (London, England: 1997)*, 165(1), 11-20. [https://doi.org/10.1016/s1090-0233\(02\)00112-0](https://doi.org/10.1016/s1090-0233(02)00112-0)
- Muñoz-González, S., Ruggli, N., Rosell, R., Pérez, L. J., Frías-Leuporeau, M. T., Fraile, L., Montoya, M., Cordoba, L., Domingo, M., Ehrensperger, F., Summerfield, A., & Ganges, L. (2015). Postnatal Persistent Infection with Classical Swine Fever Virus and Its Immunological Implications. *PLOS ONE*, 10(5), e0125692. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125692>
- Mur, L., Atzeni, M., Martínez-López, B., Feliziani, F., Rolesu, S., & Sanchez-Vizcaino, J. M. (2016). Thirty-Five-Year Presence of African Swine Fever in Sardinia: History, Evolution and Risk Factors for Disease Maintenance. *Transboundary and Emerging Diseases*, 63(2), e165-e177. <https://doi.org/10.1111/tbed.12264>
- Nascimento, M. L. F. (2020). A multivariate analysis on spatiotemporal evolution of Covid-19 in Brazil. *Infectious Disease Modelling*, 5, 670-680. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.08.012>
- Noboa Velástegui, J. A., Acosta Batallas, A. J., Chávez Larrea, M. A., Fernández-Gómez, R., & Yáñez Ortiz, I. P. (2019). Análisis del título de anticuerpos en cerdas vacunadas contra peste porcina clásica a cuatro edades de gestación. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 30(2), 939-945. <https://doi.org/10.15381/rivep.v30i2.15143>

- OMSA. (2022). *WAHIS*. <https://wahis.woah.org/#/home>
- Popescu, L. N. (2017). *Diagnostic techniques for classical swine fever virus*. <https://krex.k-state.edu/dspace/handle/2097/38269>
- Postel, A., Austermann-Busch, S., Petrov, A., Moennig, V., & Becher, P. (2018). Epidemiology, diagnosis and control of classical swine fever: Recent developments and future challenges. *Transboundary and Emerging Diseases*, *65 Suppl 1*, 248-261. <https://doi.org/10.1111/tbed.12676>
- Postel A, Moennig V, Becher P. (2013). BMTW-Classical Swine Fever in Europe – the current Situation. *Berl Münch Tierärztl Wochenschr, Berl Münch Tierärztl Wochenschr* *126*, 468–475 (2013), 468-475. <https://doi.org/10.2376/0005-9366-126-468>
- Postel, A., Schmeiser, S., Perera, C. L., Rodríguez, L. J. P., Frias-Lepoureau, M. T., & Becher, P. (2013). Classical swine fever virus isolates from Cuba form a new subgenotype 1.4. *Veterinary Microbiology*, *161*(3-4), 334-338. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2012.07.045>
- Rios, L., Coronado, L., Naranjo-Feliciano, D., Martínez-Pérez, O., Perera, C. L., Hernandez-Alvarez, L., Díaz de Arce, H., Núñez, J. I., Ganges, L., & Pérez, L. J. (2017). Deciphering the emergence, genetic diversity and evolution of classical swine fever virus. *Scientific Reports*, *7*(1), 17887. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-18196-y>
- Roehe, P. M., & Woodward, M. J. (1991). Polymerase chain reaction amplification of segments of pestivirus genomes. En B. Liess, V. Moennig, J. Pohlenz, & G. Trautwein (Eds.), *Ruminant Pestivirus Infections* (pp. 231-238). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-9153-8_28
- Schulz, K., Staubach, C., & Blome, S. (2017). African and classical swine fever: Similarities, differences and epidemiological consequences. *Veterinary Research*, *48*(1), 84. <https://doi.org/10.1186/s13567-017-0490-x>
- Simmonds, P., Becher, P., Bukh, J., Gould, E. A., Meyers, G., Monath, T., Muerhoff, S., Pletnev, A., Rico-Hesse, R., Smith, D. B., & Stapleton, J. T. (2017). ICTV Virus

Taxonomy Profile: Flaviviridae. *The Journal of General Virology*, 98(1), 2-3.
<https://doi.org/10.1099/jgv.0.000672>

Tarradas, J., de la Torre, M. E., Rosell, R., Perez, L. J., Pujols, J., Muñoz, M., Muñoz, I., Muñoz, S., Abad, X., Domingo, M., Fraile, L., & Ganges, L. (2014). The impact of CSFV on the immune response to control infection. *Virus Research*, 185, 82-91.
<https://doi.org/10.1016/j.virusres.2014.03.004>

The center for Food Security and Public Health. (2009). *Peste Porcina Clásica*. CFSPH.
<https://www.cfsph.iastate.edu/eedatextbookreferences/>

Van Oirschot, J. T., & Terpstra, C. (1977). A congenital persistent swine fever infection. I. Clinical and virological observations. *Veterinary Microbiology*, 2(2), 121-132.
[https://doi.org/10.1016/0378-1135\(77\)90003-7](https://doi.org/10.1016/0378-1135(77)90003-7)

Vargas Terán, M., Calcagno Ferrat, N., & Lubroth, J. (2004). Situation of classical swine fever and the epidemiologic and ecologic aspects affecting its distribution in the American continent. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1026, 54-64.
<https://doi.org/10.1196/annals.1307.007>

Wang, L., Madera, R., Li, Y., McVey, D. S., Drolet, B. S., & Shi, J. (2020). Recent Advances in the Diagnosis of Classical Swine Fever and Future Perspectives. *Pathogens*, 9(8), Article 8. <https://doi.org/10.3390/pathogens9080658>

Weesendorp, E., Landman, W. J. M., Stegeman, A., & Loeffen, W. L. A. (2008). Detection and quantification of classical swine fever virus in air samples originating from infected pigs and experimentally produced aerosols. *Veterinary Microbiology*, 127(1-2), 50-62. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.08.013>

Zhang, Y., Li, Q., Wang, R., Wang, L., Wang, X., Luo, J., Xing, G., Zheng, G., Wan, B., Guo, J., & Zhang, G. (2022). Differentiation of Classical Swine Fever Virus Virulent and Vaccine Strains by CRISPR/Cas13a. *Microbiology Spectrum*, 10(5), e0089122.
<https://doi.org/10.1128/spectrum.00891-22>

11. Anexos

Loja, 30 de Junio de 2023

CERTF. N°. 041-JP-2023

El suscrito, Lic. Juan Pablo Quezada Rosales, con cédula de identidad 1104039621 **DOCENTE DE INGLÉS DE EDUCACION SUPERIOR** ", a petición de la parte interesada y en forma legal,

CERTIFICA

Que el numeral 2.1 **ABSTRACT**, del Trabajo de investigación, titulado **DETERMINACIÓN DE PATRONES ESPACIALES DE PESTE PORCINA CLÁSICA EN ECUADOR, PERIODO 2019-2021**" de autoría del Señor **Mvz DARWIN MAURICIO PALMA RAMIREZ** con C.I. 1104621980, estudiante de la **MAESTRIA EN SANIDAD ANIMAL, DE LA FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA, DEL AREA AGROPECUARIA DE RECURSOS NATURALES RENOVABLES, DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA** está correctamente traducido del idioma español al idioma inglés, para lo cual se autoriza la impresión y presentación para los fines pertinentes.

Facultando al interesado hacer uso del presente documento en lo que estime conveniente

English is the doorway to the future!

Checked by:
Juan Pablo Quezada R.
E.F.L. Teacher



**JUAN PABLO
QUEZADA
ROSALES**

Lic. Juan Pablo Quezada Rosales
ENGLISH TEACHER OF SUPERIOR EDUCATION
