



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
ENFERMEDADES EN LOS CERDOS FERALES: ESTUDIO DE
REVISIÓN
TESINA
QUE PARA OBTENER
EL TÍTULO DE MÉDICA VETERINARIA ZOOTECNISTA
PRESENTA
ELOISA ANTONIA LARGO FERNÁNDEZ
Asesor: MC Rosalba Carreón Nápoles

Ciudad Universitaria, Cd. Mx. 20223



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

DEDICATORIA

A quién me inspiró desde que tenía 9 años a ser una MVZ con ética, altruismo y profesionalismo: MVZ. Rafael Mercado Ramírez.

A quién me apoyó estos últimos años, regalándome su tiempo y transmitiéndome su conocimiento: MC. Rosalba Carreón Nápoles.

AGRADECIMIENTOS

A Dios que me ha dado fortaleza y me ha guiado para seguir adelante.

A mis compañeros de vida y cuidadores, que me hicieron ver lo hermoso que es la naturaleza y por ello me impulsaron todo el tiempo a ser mejor: Benjamín, Merlín, Bruno, Goofy, Carlos, Josefina, Chispa, Buperina, Nena, Tita y Chiquis.

A todos los que de una forma u otra colaboraron para que este trabajo fuese posible.

CONTENIDO

	Página
RESUMEN	1
INTRODUCCIÓN	2
GENERALIDADES DEL CERDO FERAL	5
CLASIFICACIÓN DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS	11
1.- Enfermedades virales	12
2.- Enfermedades bacterianas	30
3.- Enfermedades fúngicas	60
4.- Enfermedades parasitarias	61
RESISTENCIA ANTE LAS ENFERMEDADES	87
ANÁLISIS DE INFORMACIÓN	90
CONCLUSIONES	93
REFERENCIAS	94

RESUMEN

LARGO FERNÁNDEZ ELOISA ANTONIA. Enfermedades en los cerdos ferales: Estudio de Revisión (bajo la dirección de: MC. Rosalba Carreón Nápoles)

Los cerdos ferales representan una potencial amenaza en la producción porcina, economía y seguridad sanitaria de toda la población mundial gracias a ser animales reservorio de múltiples enfermedades que incluyen las zoonóticas. El papel que representan estos animales es de gran importancia y el cual no ha formado parte de diversos estudios en México a pesar de la gran problemática mundial como es la Peste Porcina Africana y la diversidad de estudios que se han generado en otros países.

Este trabajo tiene como objetivo principal recopilar información que represente el papel que tienen los cerdos ferales en las enfermedades: virales, parasitarias y bacterianas. Además de dar pie a otras investigaciones en México para concientizar, vigilar y controlar las poblaciones de estos animales.

Esta información es tomada de artículos científicos de revistas científicas como: Acta Veterinaria Scandinavica, Vaccine, Pathogens, BMC Research Notes, Science of The Total Environment, etc los cuales fueron obtenidos de buscadores como: Pubmed, SciELO, Elsevier Science Direct, etc. Además de la consulta de diversa información de la Biblioteca Digital UNAM, Biblioteca Central UNAM y Biblioteca FMVZ "M.V José de la Luz Gómez".

INTRODUCCIÓN

El cerdo *Sus scrofa* Linnaeus es un mamífero artiodáctilo (que tiene pezuña), los cuales pertenecen a la familia *Suidae*, a la cual pertenecen 5 géneros y un total de 19 especies. *Sus scrofa* es una especie nativa de Eurasia y que en la actualidad se encuentran en todo el mundo.¹

Los cerdos ferales o comúnmente nombrados: cerdos asilvestrados, son denominados de manera científica como: *Sus scrofa*; los cuales son una especie invasora y dañina. Actualmente es considerada entre las 100 especies invasoras exóticas más dañinas gracias a su alta adaptabilidad y resistencia ante enfermedades.¹

La población de cerdos ferales sigue aumentando año con año, aunque hay que destacar que la invasión de estos animales en el continente americano comenzó gracias a Cristóbal Colón en 1493 y las colonizaciones de diversos países por parte de los conquistadores, quienes traían a estos animales como recursos alimentarios y los abandonaron sin pensar que surgirían de estos los llamados cerdos ferales.²

Su apariencia puede llegar a verse como los jabalíes o parecido a otras razas porcinas. Por otra parte, en cuanto a la fertilidad de estos animales es muy alta, capaces de producir dos camadas por año.³

El descubrimiento de estas poblaciones de cerdos ferales en las regiones se puede llevar a cabo mediante la visualización, vegetación y troncos separados de pastos removidos, restos de animales domésticos como corderos tirados y las llamadas “carreras de pad” o “pads runs” las cuales son zonas densas de pastos que pasan a ser caminos con tierra desnuda.⁴

El hábitat preferible de estos animales son los bosques con gran cantidad de vegetación como helechos o matorrales. En cuanto a su alimentación son animales omnívoros - oportunistas, de los cuales destacan en la vegetación: raíces de helechos y frutas, en cuanto a los animales que pueden llegar a consumir: ranas, corderos, conejos y roedores.

Estos animales no tienen una actividad específica, pero si llegan a ser más activos al amanecer y anochecer, respondiendo de esta manera a la actividad de la caza y finalmente son de menor actividad a la media tarde.⁴

En cuanto a la propagación de enfermedades estos animales, pueden transmitir leptospirosis, brucelosis, peste porcina clásica, peste porcina africana, entre otras enfermedades incluyendo virus, parásitos y bacterias que pueden llegar a ser fatales en las producciones porcinas

nacionales, del continente y por supuesto mundialmente dado que estos animales son susceptibles a los mismos patógenos que los cerdos ferales.

El país del continente americano que ha estudiado en mayor medida al cerdo feral es Estados Unidos de América, donde existen diversos estudios que relatan la situación preocupante que existe "... 1982 a 2016 la población de cerdos ferales en Estados Unidos ha aumentado 2.4 millones a 6.9 millones..."⁵

Los cerdos ferales donde habitan causan un daño generalizado en el medio ambiente y por supuesto un daño a los animales domésticos por la competencia al alimento. Además de la propagación de diferentes enfermedades; estos animales pueden hacer daño a los cultivos desde la cosecha sin dejar atrás la siembra, ya que arrancan mediante el hozar las plántulas y las semillas. Posteriormente pisotean los cultivos.⁶

Por otra parte, se ha demostrado que estos animales dañan y ensucian los cuerpos de agua incluyendo las presas.

Finalmente la preocupación de la convivencia de estos animales con el ganado, recae mayormente en que estos animales son reservorios de algunas enfermedades infecciosas y pueden llegar a infectar a otros animales gracias a diversas actividades desde beber en un mismo cuerpo de agua, lo que provoca un estrecho contacto entre estos animales y con el humano, hasta incluso contaminar suelos o introducirse a las unidades de producción agropecuarias, resultando en la transmisión de diversas enfermedades como: brucelosis, pseudorrabia o también conocida como enfermedad de Aujeszky, influenza porcina, salmonelosis, triquinosis, toxoplasmosis, peste porcina clásica, peste porcina africana, colibacilosis, listeriosis, entre otras enfermedades; las cuales son enfermedades que están altamente extendida en estos animales y resultan ser algunas de ellas zoonótica lo que repercute en gran medida en la salud pública mundial y en la economía de los productores agropecuarios.⁸

Estudios revelan que los cerdos ferales son portadores de al menos 45 enfermedades parasitarias, ya sean externos e internos de los que destacan la triquinosis y toxoplasmosis.⁹

El riesgo de contraer una enfermedad por el contacto con cerdos ferales es real, en el año 2007 se concluyó que 8 de cada 10 humanos con brucelosis porcina fueron gracias a ese contacto directo con estos animales.⁹

Por otra parte, es importante señalar que la leptospirosis es una enfermedad zoonótica causada por un microorganismo bacteriano, y esta es la más importante en el mundo, puede ser de igual manera transmitida por los cerdos ferales. Estudios en Australia señalan que cada año aumentan 57% los casos de esta enfermedad desde el año 2013.¹⁰ Además de la leptospirosis anteriormente descrita, destaca por ser zoonótica la hepatitis E, la cual el cerdo feral es el reservorio de esta enfermedad en conjunto con el cerdo doméstico.¹¹

En conclusión, es por ello el interés de llevar a cabo la realización de este trabajo, pues como se mencionó anteriormente el cerdo feral es punto clave como reservorio, resistencia a enfermedades y diseminación de estas.

GENERALIDADES DEL CERDO FERAL

a) Aspecto físico

Los cerdos ferales son animales pequeños, musculosos y delgados en comparación a los cerdos domésticos; el pelo recubre su cuerpo, este es áspero y es escaso. En cuanto al hocico es más alargado, grande, con colmillos largos y rectos.⁹⁰ Como se puede observar en la Figura 1 tomada de Global News.

Los animales viejos suelen tener una columna vertebral que se eleva y se puede observar prominente al resto del cuerpo que se inclina hasta sus jamones, los cuales son pequeños con respecto a los cerdos domésticos; los miembros posteriores son cortos y algunos ejemplares pueden llegar a tener una cresta con pelo rígido que puede llegar hasta la mitad de la espalda.⁹⁰



Figura 1 Los cerdos ferales son pequeños, musculosos y delgados con un hocico más alargado que los cerdos domésticos. Estos animales son de color negro o con manchas blancas y negras.⁹⁰

Su peso ronda:

- Hembras adultas: 60-75 kg
- Machos adultos: 90-110 kg
- Lechones⁹⁰

b) Reproducción

La reproducción ocurre todo el año.

El cerdo feral es una especie polígama con una época de cría otoñal.¹⁰⁰

Las hembras, tienen un ciclo estral que dura 21 días , con un período de gestación de aproximadamente 115 a 122 días, estas pueden llegar a tener de 4-10 lechones por camada y normalmente realizan nidos gracias a la vegetación que se encuentran en su entorno.²⁵

El nacimiento de los lechones ocurre generalmente a finales de la estación de invierno y principios de la estación de primavera. Los primeros 5 días de vida se mantienen en el nido con su madre; mientras que el destete se da entre 2-3 meses.²⁵

La madurez sexual se alcanza cuando las cerdas pesan alrededor de 25 kg, esto normalmente ocurre alrededor de los seis meses de edad. ⁹⁰

Por lo general el apareamiento sucede una vez al año y los machos se pueden llegar a aparear con más de una hembra.²⁵

Mortalidad

La mortalidad de los lechones llega a ser alta a causa de la dieta baja en proteína de la madre, incluso llega a ser 100% en las estaciones secas donde hay poca disponibilidad de ingredientes proteicos en su entorno. En cambio, con los animales adultos, la mortalidad es mínima, pero tiene una estrecha relación con las condiciones estacionales y solo algunos animales viven más de cinco años.⁹⁰

Comportamiento

Los jabalíes tienen mayor actividad por la noche y en las horas de luz se refugian en un escondite con cubierta tupida de vegetación para evitar la presencia de los depredadores. ⁹⁰

Además, por naturaleza, los cerdos ferales son capaces de moverse hasta con una velocidad de 80 km por semana en busca de alimento en un rango aproximado de 0 a 20 Km.¹⁰³

Los cerdos en etapa juvenil viven en grupos. En cambio, los machos adultos viven solitarios ⁹⁰

Alimentación

Los cerdos son omnívoros, por lo que comen plantas y animales. Son animales oportunistas, ya que pueden llegar a utilizar cualquier alimento que temporalmente sea abundante en su ecosistema.⁹⁰

Tienen una inclinación por el forraje verde, los cereales, caña de azúcar y otros cultivos como: las frutas, lombrices e invertebrados del suelo (lombrices de tierra, hormigas, etc).⁹⁰

Las señales que indican la presencia de cerdos ferales son: excavaciones frescas en el suelo, huellas de pezuñas, pelo en los árboles o huecos, ya que estos animales tienden a revolcarse, marcar los colmillos, frotar el lodo en los árboles y nidos que fueron realizados por las cerdas antes del parto.⁹⁰

Hábitat



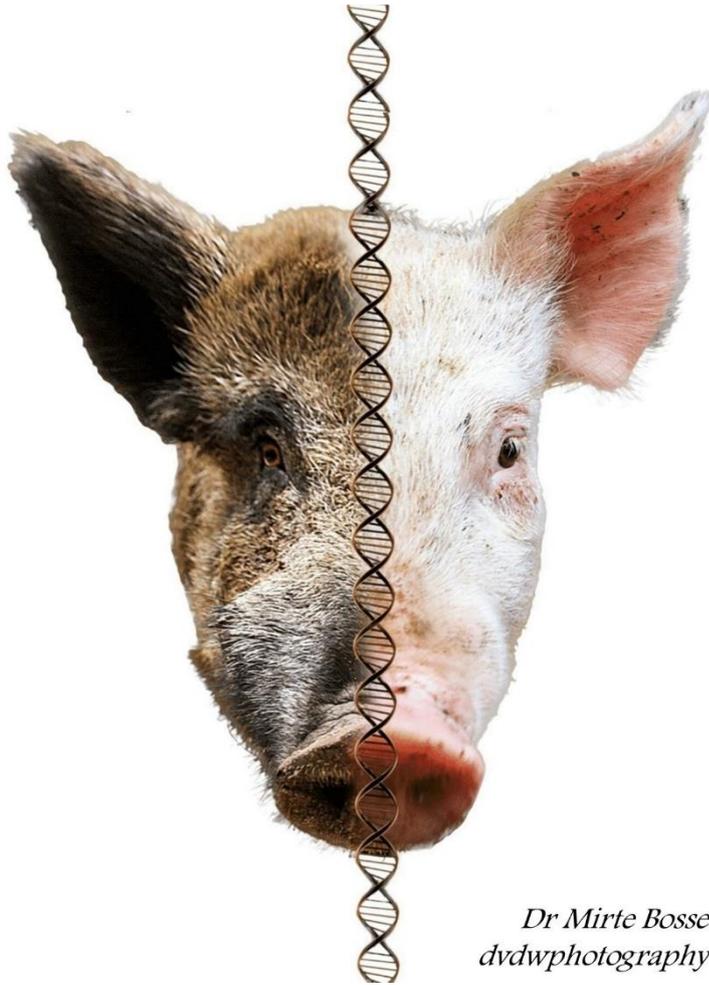
Figura 2 Los cerdos ferales ya pueden llegar a encontrarse caminando en las grandes ciudades.

El Ayuntamiento de Barcelona menciona en el año 2018, que los cerdos ferales se llegan a encontrar en parques, jardines, propiedades privadas y calles, teniendo una estrecha relación entre cerdo feral-humano. Por lo que son una especie oportunista.¹⁸

Por otro lado, Castillo en el 2022, realizó una investigación en la que señala que los cerdos ferales se encuentran presentes en lugares de España, específicamente en Barcelona en: el Parque Natural de la Sierra de Collserola, la ciudad de Barcelona y el campus de la Universidad

Autónoma de Barcelona. De esta manera se deja entre ver que estos animales tienen un estrecho contacto con la vida urbana y rural en el ecosistema donde habitan.¹⁸ Como se observa en la Figura 2 tomada de East week magazine.

Historia



*Dr Mirte Bosse
dvdwphotography*

Figura 3 Su descendencia del cerdo feral.

Todos los miembros de la familia *Suidae*, ya sean silvestres o no; no son especies nativas del continente americano y su introducción se atribuye exclusivamente a las actividades humanas. Los jabalíes (*Sus scrofa*) son nativos de las regiones de Eurasia y África del Norte. En el norte del continente americano, las poblaciones de cerdos salvajes son descendientes de los cerdos domésticos (*S. scrofa domesticus*). Como se observa en la Figura 3 de Bosse. Estas poblaciones fueron introducidas desde el año 1400, y especies silvestres europeas como el jabalí con fines de caza (*S. scrofa scrofa*) desde la década de los 20's.⁶¹

Los cerdos domésticos en producciones de traspato o de manera extensiva se les permite moverse libremente y deambular, volviéndose salvajes, por lo que en algunos casos, se han logrado cruzar con poblaciones silvestres a lo largo del tiempo dando lugar a los llamados cerdos ferales.

En el pasado, las poblaciones de jabalíes se han extendido de manera súbita hablando en particular de su distribución geográfica en América del Norte, pues gracias al movimiento de las poblaciones tejanas hacia el sur de los estados de: Tamaulipas, Nuevo León y Chihuahua en México.⁶¹

Por otra parte, en México se introdujeron jabalíes europeos en el estado de Durango a finales de la década de los 80's, mientras que al menos dos poblaciones de jabalíes se han establecido en Baja California Sur y Campeche.⁶¹

Impacto



Figura 4 Los cerdos ferales llegan a tener contacto con el ganado y otras especies.

Las poblaciones salvajes pueden extenderse de manera rápida, ya que los jabalíes tienen pocos depredadores naturales.⁶⁴

Los hábitos alimenticios de estos animales repercuten negativamente

en los costos agrícolas, Pimentel en 2005 reportó un estimado de pérdidas de alrededor de 800 millones de dólares. Seguido, en 2014 Bevins indicó que en Estados Unidos de América (EUA) la población de cerdos ferales incrementó; ya que de estar presentes en 17 estados pasaron a 38 en un periodo de tan sólo 30 años.⁴

Finalmente, Anderson en 2016 estimó pérdidas por 190 millones de dólares anuales en cultivos como: maíz, soya, trigo, arroz y cacahuete. Estos resultados surgieron de una investigación con encuestas planeadas por el Departamento de Agricultura de EUA (USDA) en conjunto con el Servicio Nacional de estadísticas Agrícolas del mismo país, las cuales fueron repartidas por el Centro de Investigación del Departamento Nacional de Vida Silvestre de USDA, aplicadas en 11 estados, los cuales fueron: Alabama, California, Florida, Arkansas, Georgia, Louisiana, Mississippi, Missouri, Carolina del Sur, Carolina del Norte, Oklahoma, Tennessee y Texas.⁴ Se realizaron 12 000 encuestas de las cuales el 61% de los Estados estudiados tuvieron alguna vez contacto con los cerdos ferales, el 34% de las encuestas aplicadas en Texas tienen contacto estrecho con el ganado, siendo más propenso el ganado bovino de carne, mientras que los menos propensos son las producciones de aves y caprina.⁴ Como se observa en la Figura 4 obtenida por Western Australian Feral Pig Strategy.

Investigaciones señalan que los cerdos ferales pueden llegar a acabar con hasta un 40% de los corderos de su alrededor. Además de provocar daño por el pastoreo y el hozar, además de al revolcarse contaminan el agua de los ríos, lagos o lagunas y hasta llegan a perforar desagües.⁴

El daño ocasionado perjudica directa e indirectamente en el ecosistema de los animales terrestres y acuáticos que se encuentre habitando el mismo entorno. En consecuencia, debido a la erosión se llegan a establecer hierbas exóticas y pérdida de suelos.⁹⁰

El control de estas poblaciones es difícil debido a su actividad nocturna, su reproducción acelerada, su alimentación omnívora y por la gran área de distribución en la que interactúan; y es por ello que los programas de control solo son eficientes cuando se llevan a cabo en un área grande mismos que son efectivos cuando existe una integración y colaboración de los participantes.⁹⁰

Las enfermedades pueden alterar la dinámica poblacional de la fauna silvestre del ecosistema, es decir pueden verse impactadas en el tamaño, edades, sexo y algunas dimensiones físicas solo por mencionar algunas.⁸⁵

En conclusión, estos animales son considerados entre las 100 peores especies exóticas invasoras que puede llegar a tener un ecosistema, llegan a amenazar hasta 672 taxones en 54 países.⁹⁰

CLASIFICACIÓN DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS

Es cuanto, al control de enfermedades, es necesario monitorear las que afectan la vida silvestre para identificar las modificaciones que aparecen y medir el impacto de estas. La obtención de muestras de los animales silvestres resulta difícil en comparación con los animales de compañía o el ganado.¹³

Boadella en el 2011 menciona en su investigación, que la hemólisis es común en las muestras de cerdos ferales, la congelación y descongelación es otro factor importante que tiene una implicación directa en los resultados y provocan sesgos en pruebas de laboratorio como es el caso de ELISA.¹³

De hecho, las zoonosis representan aproximadamente el 60% de las emergencias que van en aumento causando problemas de salud pública y es por ello que las enfermedades infecciosas son emergentes y abarcan un 70% o más que tienen origen en animales salvajes.³⁴

En América del Norte, se estima que al menos el 79% de las enfermedades de los animales domésticos, tienen un supuesto origen o intervención de la vida silvestre asociado con la transmisión, el mantenimiento o el ciclo de vida del patógeno y al menos el 40% son zoonóticas. Adicionalmente, tres cuartas partes de todas las Enfermedades Infecciosas Emergentes (EID) de los humanos son zoonóticas y la mayoría tiene origen en reservorios de la vida silvestre.¹⁰¹

La epidemiología de la enfermedad varía entre animales salvajes y domésticos debido a los diferentes factores de riesgo asociados.¹⁰⁰ Según Miller, los patógenos transmitidos por vectores constituyen menos del 23 % de los patógenos, lo que indica que es más probable que los patógenos afecten a los animales mediante la transmisión directa o transmisión a través de fómites para el cruce entre especies.¹⁰¹ En consecuencia, los patógenos transmitidos por vectores llegan a ser los más difíciles de controlar, causan problemas a largo plazo para la mitigación del riesgo de enfermedades.¹⁰¹

Agregado a esto, Sannö en el año 2018 menciona la preocupación de las canales de estos animales ya que solo el 15% de los jabalíes capturados pasan por un establecimiento de inspección sanitaria en Suecia¹⁰⁴

Miller en el año 2017 menciona, la importancia de las redes de potencial de transmisión, que proporcionan un mayor entendimiento de los riesgos potenciales de los patógenos entre especies. Por lo que, la mayoría (aproximadamente un 87%) de los patógenos porcinos pueden transmitirse a otras especies; aunque, este potencial de transmisión no se distribuyó uniformemente entre las especies, según el estudio. Adicionalmente, las redes de transmisión indican un riesgo de transmisión entre especies de bóvidos y cerdos ferales. En este estudio resultó en que la familia *Bovidae*, particularmente hablando del ganado, puede ser importante para la transmisión de patógenos entre los cerdos y otras especies, incluyendo cerdos salvajes, vacas, ovejas y cabras en América del Norte.¹⁰¹

1.- Enfermedades virales

Influenza porcina

Los virus de influenza A en cerdos son una gran preocupación porque los cerdos pueden infectarse con cepas de influenza A humana y aviar (el huésped natural de influenza aviar son las aves acuáticas silvestres)¹⁰¹ y los cerdos representan un “recipiente de mezcla” permitiendo de esta manera nuevas cepas del virus.⁶⁴

En raras ocasiones, estas nuevas cepas pueden tener diferentes especificidades de huésped y de virulencia, además de ser potencialmente una amenaza de inicio de una pandemia humana. Globalmente hay muy pocos casos reportados de virus de influenza detectable en animales silvestres, y la seroprevalencia varía con la región analizada y el año, con un rango desde 0% a 26% en varios estudios en toda Europa y de 0% a 91% en varias regiones de los EUA.⁶⁴

En cuanto, al virus de la influenza aviar, tiene una gran variedad de huéspedes y, en su mayoría son capaz de adaptarse relativamente rápido a nuevos huéspedes.¹⁰¹

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 0% fueron positivos a Influenza porcina en la prueba BELISA.

Sin embargo, Pérez en el año 2017 menciona en su estudio en México que los cerdos asilvestrados en libertad presentaron los mayores porcentajes de prevalencia para ambos subtipos virales H1N1 46.7 % y H3N2 60%, respecto a los cerdos domésticos como se muestra en el cuadro realizado por Pérez (Cuadro1).⁸⁵

Grupos de cerdos	n	H1 (%)	H3 (%)
Domésticos	28	28.6	7.1
Asilvestrados libres	15	46.7	60
Asilvestrados cautivos	27	29.6	7.4

Cuadro 1 Prevalencia de Influenza H1 Y H3 en cerdos domésticos y salvajes.

El virus de la influenza D (IDV), el cuarto género del virus de la influenza entre la familia *Orthomyxoviridae*, Se supone que circula principalmente en el ganado bovino, que parece ser el reservorio natural. Sin embargo, Como sugieren las detecciones de virus, las investigaciones serológicas y/o las infecciones experimentales, otras especies animales pueden ser susceptibles al IDV, entre las que se encuentran los cerdos domésticos, cerdos salvajes, caballos, camellos, conejillos de indias y hurones. Además, se han detectado anticuerpos anti-IDV en humanos especialmente en trabajadores que están en contacto con el ganado.⁴⁴

El virus se aisló por primera vez de un cerdo que presentaba un síndrome respiratorio.⁴⁴

Gorin, en el 2019 habla de la primera evidencia serológica de que algunas cerdas reproductoras han sido expuestas a IDV en Francia, además de haber analizado sueros de cerdos ferales cazados en Francia entre los años 2013-2014, y tres (0.5%) resultaron positivos, lo que indica que podrían haber ocurrido eventos infecciosos esporádicos.⁴⁴

Parvovirus porcino

PPV, un pequeño virus de ADN de la familia *Parvoviridae*, es omnipresente entre los cerdos domésticos en todo el mundo. El virus del parvovirus se asocia principalmente con problemas reproductivos en nulíparas, cerdas y verracos; causa únicamente infecciones subclínicas en otros cerdos. Los efectos de la infección por PPV en el estado de salud de los verracos suele ser mínima y subclínica, aunque se ha informado que la infección por PPV tiene un efecto negativo sobre la tasa de ovulación de las hembras de jabalí⁶⁵

Fallo reproductivo por VPP, ocurre si la infección se contrae durante la primera mitad de gestación, mientras que la infección después de los 70 días de gestación puede dar lugar a lechones débiles e infectados. Ruiz, en el año 2006 realizó un estudio donde clasifico a sus muestras dependiendo de la edad de los animales adultos y sub adultos, no identificó relaciones estadísticas significativas entre la enfermedad y los parámetros reproductivos. Como se muestra a continuación (Cuadro 2).¹⁰⁰

Variables dependientes	Modelos finales	F	p	Param. Est. ± E.S.
PPV				
Tasa de ovulación n=68	Estatus serológico	3.65	0.06	-0.16±0.09
	Edad	6.82	0.01	0.23±0.09
Tamaño de camada n=48	Sin variables explicativas significativas			
Reabsorción parcial n=37	Sin variables explicativas significativas			

Cuadro 2 Parámetros que puede afectar PPV (Tasa de ovulación, Tamaño de camada y Reabsorción parcial).

El parvovirus es prevalente en jabalíes, con una incidencia que va del 14 al 17% en Oklahoma y Tennessee, EUA y el 57% en España.⁶⁵

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 36.4% de los animales fueron positivos a PCV-2 mediante la prueba ELISA, añadido a esto el mismo autor informó por primera vez la presencia de esta enfermedad en Guam, EUA.²⁶

Para finalizar, es posible que el VPP sea transmisible entre cerdos asilvestrados y cerdos domésticos a través de contactos directos, aunque el cerdo asilvestrado no se considera un reservorio significativo para la transmisión del VPP a los cerdos domésticos.⁶⁵

a) Hokovirus

Hokovirus porcino (o conocido como PHoV), es un miembro del género *Parvovirus* dentro de la familia de *Parvoviridae*. Es un virus no envuelto, que contiene un genoma de ADN monocatenario de aproximadamente 5 kb.²

Adlhoch menciona en su estudio del 2010 que no se dispone de información sobre la presencia del virus en otras poblaciones que no sea la que estudio (Alemania). Sin embargo, el mismo autor menciona algunos reportes aislados en Hong Kong a lo que resulta una hipótesis: "...Se puede especular que el virus ha sido distribuido a través de cerdos que han sido importados de Europa a Hong Kong..."²

Enfermedad de Aujeszky (PRV)

PRV, es un *alfaherpesvirus*, que tiene una distribución mundial que infecta a los cerdos silvestres y a los cerdos domésticos. Las infecciones por PRV en cerdos asilvestrados adultos generalmente no causan morbilidad o mortalidad, sin embargo, existen infecciones latentes.⁶⁵

Una característica importante de la infección por PRV en cerdos salvajes o domésticos es el establecimiento de latencia en células neuronales y no neuronales, que tiene implicaciones importantes para la propagación de PRV.⁶⁵

La exposición a PRV es alta entre los jabalíes y tasa de seroprevalencia que varía del 9 a 61% en jabalíes de diferentes países.⁶⁵

Los mamíferos distintos de los suidos son considerados huéspedes sin salida ya que la infección normalmente es fatal.¹²

La alta prevalencia de PRV en jabalíes plantea una preocupación por la salud de ambos: jabalíes y otros animales domésticos. En EUA, tienen un programa nacional de erradicación de la pseudorrabia, que comenzó en 1989.⁶⁵

Las implicaciones en la conservación de las especies son importantes, ya que existen casos fatales en especies en peligro de extinción posterior al consumo de PRV con carne contaminada en la Península Ibérica, tal como el lobo ibérico (*Canis lupus signatus*), el cual utiliza cerdo feral como un parte de la dieta. Boadella menciona en su estudio la preocupación por otras especies en peligro de extinción como: el oso pardo (*Ursus arctos*) y el lince ibérico (*Lynx pardinus*).¹²

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 64.5% de los animales fueron positivos a pseudorabia a la prueba de ELISA.²⁶

Por otra parte, Boadella, hace énfasis en la prevalencia del contacto de la pseudorabia en cerdos ferales y que se ha tenido registrado en varios países europeos, tales como: España 0.8-44%, Francia 3.5 %, Italia 30-51% , Suiza 2.8%, Croacia 55%, Eslovenia 31%, Polonia 11% y Rusia 32%; lo que sugiere que el virus puede ser endémico en la mayoría de estas poblaciones de cerdos ferales.¹²

Los animales silvestres europeos generalmente no se ven seriamente afectados por PrV, incluso por dosis que pueden conducir a una enfermedad grave después de la experimentación.³⁵

En Italia y en todos los países de la Unión Europea existe un plan de erradicación que incluye vacunación obligatoria con vacunas delete-gE (primera vacunación entre los 60 y 90 días de edad).³⁸

Hernández en el año 2020, sugirió que los patrones de dispersión de los cerdos ferales y la composición de la tierra se puede utilizar para predecir los hábitats que presentan un alto riesgo de transmisión entre especies de PrV a carnívoros en peligro de extinción.⁵¹

Meier en el 2015 muestra, la densidad de jabalí se ha propuesto como un factor que influyen en la seroprevalencia de ADV con una correlación entre la seroprevalencia de PRV y el índice de población de caza del cerdo feral.⁵⁶

Además de ello, Müller en el 2021, menciona que la seroprevalencia en su estudio donde fue mayor en los sitios de estudio en España respecto a Portugal y fue mayor en adultos en comparación con animales más jóvenes. Por lo que está de acuerdo con estudios previos, esto sugiere que la exposición acumulada puede explicar el aumento de la seropositividad con la edad.⁷⁴

Rabia porcina

La rabia, es una zoonosis letal conocida desde hace siglos, es causada por un virus perteneciente al orden *Mononegavirales*, familia *Rhabdoviridae*, del género *Lyssavirus* que afecta a los mamíferos de sangre caliente y humanos.²⁹

En Europa, el principal reservorio de la rabia está representado por el zorro rojo (*Vulpes vulpes*) y el perro mapache (*Nyctereutes procyonoides*) por mencionar algunos.²⁹

Anca menciona que existen pocos estudios destinados a detectar anticuerpos antirrábicos en cerdos ferales hasta ahora. Pues, el primero se realizó un estudio considerando cerdos ferales.²⁹

Milicevic menciona, el genoma del herpesvirus está altamente conservado y la mayoría los genes no son lo suficientemente variables para una alta resolución de análisis filogenético.⁶⁸

Virus de la encefalitis transmitida por garrapatas

Los virus transmitidos por garrapatas como el virus de la encefalitis transmitida por garrapatas (TBEV) y fiebre severa con trombocitopenia se han reportado en humanos, animales y garrapatas.²

Chebichi, menciona algunos virus transmitidos por garrapatas que llegan a tener seroprevalencia en cerdos ferales como lo son: virus de Tofta (TFLV), el virus Kabuto Mountain (KAMV) y el virus Muko (MUV). Estos virus se transmiten entre especies de garrapatas y animales silvestres que actúan como huéspedes naturales en su ciclo de vida.²

TBEV pertenece a la familia *Flaviviridae* y género *Flavivirus*. TBEV puede ser transmitido por *Ixodes ovatus* y roedores, que son sus huéspedes naturales. El área endémica de TBEV es en Hokkaido, Japón.²

FTSV pertenece al orden *Bunyavirales*, familia *Phenuiviridae*, género *Bandavirus*, y su nombre de especie actual es *Dabie bandavirus*. Se transmite a humanos y animales a través de los brotes de enfermedades virales transmitidas por garrapatas.²

CCHF es una enfermedad infecciosa humana aguda transmitida a través de la mordedura de las garrapatas causada por el virus CCHF. Este virus causa infecciones graves como fiebre hemorrágica, con una tasa de letalidad de 5 a 30%. El agente causal se aisló por primera vez en Crimea durante 1945, y más tarde se demostró que era indistinguible del Virus del Congo.²

TFLV fue aislado de especies de *Haemaphysalis* en Tokushima, Japón y Nagasaki, Japón; pertenece al orden *Bunyavirales*, de la familia *Nairoviridae* y el género *Orthonairovirus*, el cual es genéticamente cercano al virus Hazara (HAZV), que pertenece al de CCHF. TFLV se ha asociado con niveles muy altos de patogenicidad y mortalidad porque desactiva el receptor de interferón tipo I.²

KAMV fue aislado de *Haemaphysalis flava* en Hyogo, Japón; pertenece al orden *Bunyavirales*, de la familia *Phenuiviridae*, género *Uukunivirus* y especie *Kabuto mountain uukunivirus*.²

MUV ha sido aislado de *Ixodes turdus* en Hyogo, Tokushima y Nagasaki.²

Pertenece a la familia *Reoviridae* y género *Orbivirus*.²

Peste porcina clásica (CSFV)

CSFV, es un pequeño ARN de sentido positivo monocatenario, pertenece al género *Pestivirus* de la familia *Flaviviridae*. El CSFV infecta tanto a los cerdos domésticos como a jabalíes y puede transmitirse de jabalíes a cerdos domésticos y viceversa.⁶⁵

Los huéspedes susceptibles son diferentes miembros de la familia *Suidae*, en particular los cerdos domésticos (*Sus scrofa domesticus*) y jabalí europeo (*Sus scrofa scrofa*). Además, la

susceptibilidad del jabalí común (*Phacochoerus africanus*) y jabalíes *Potamochoerus larvatus* que fue recientemente demostrado que pueden llegar a ser huéspedes.¹⁰

Blome, menciona que existen otros miembros de este género son: el virus de la diarrea viral bovina 1 y 2 (BVDV-1 y -2), el virus de la enfermedad de la frontera (BDV) y pestivirus no clasificados y denominados atípicos, desde giraffe-virus hasta el virus Bungowannah recientemente descubierto.¹⁰

Este virus contiene partículas virales envueltas, que consisten en cuatro proteínas estructurales, la proteína central (C) y glicoproteínas E1, E2 y Erns de la envoltura. El núcleo encierra el ARN monocatenario positivo. Con un genoma de aproximadamente 12,3 kb, que se traduce en una poliproteína.¹⁰

La replicación del virus tiene lugar en el citoplasma después de la endocitosis mediada por receptores y comúnmente no conducen a un efecto citopático en cultivo celular.¹⁰

Esta enfermedad tiene un gran impacto en la salud animal y la industria porcina, por lo que, es notificable a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE).¹⁰ Si existe un caso de PPC en cerdos ferales es oficialmente sospechoso o confirmado, se deben establecer medidas especiales para limitar o prevenir la propagación de la enfermedad dentro de la población y prevenir la transmisión las poblaciones de cerdos domésticos.⁵⁵

Aunque la vacunación profiláctica contra la peste porcina clásica se ha prohibido en la UE (Unión Europea) desde finales de la década de 1980, se permite la vacunación de emergencia si se considera que seguiría una amplia propagación del virus de la peste porcina clásica si la Comisión Europea así lo confirma.⁵⁵

CSFV es altamente contagioso y los cerdos son los únicos reservorios conocido. El CSFV se transmite principalmente a través de la vía oronasal por contacto directo o indirecto con cerdos domésticos o jabalíes infectados o por vía oral o vía mediante la ingestión de alimentos contaminados.⁶⁵

Los signos clínicos varían mucho con la fase aguda y/o crónica. Los cerdos ferales sirven como reservorio.⁶⁵

La peste porcina clásica se puede dividir en: curso agudo (transitoria o letal), o crónico y persistente; los signos clínicos son los mismos en cerdos domésticos como en cerdos ferales y aparecen después de un período de incubación de cuatro a siete días. La manera de progresión

de la enfermedad depende de la virulencia de la cepa, la respuesta del huésped y las infecciones secundarias que puede llegar a haber.¹⁰

Durante las dos primeras semanas después de la infección, la fase aguda se caracteriza por: fiebre alta, anorexia, trastornos gastrointestinales, debilidad y conjuntivitis. De 2-4 semanas de post infección se observan signos neurológicos como, paresia, parálisis y convulsiones; pueden llegar a aparecer hemorragias en la piel o cianosis en diferentes lugares del cuerpo como las orejas, extremidades y abdomen ventral. Estos últimos se conocen como signos típicos.¹⁰

Sait en el 2022, menciona que en su estudio por primera vez en Turquía compró la circulación del virus en la vida silvestre. Además, que generalmente que los signos son semejantes a los causados por otros patógenos, por lo que se deben utilizar métodos moleculares y análisis filogenéticos para eliminar estas confusiones y establecer criterios epidemiológicos.¹⁰²

El CSFV circula en algunos países europeos, con tasas de prevalencia que van desde menos del 1% en Francia y el 31% en Suiza y hasta un 39% en Croacia con poca mortalidad. Como se muestra en el cuadro realizado por Meng (Cuadro 3).⁶⁵

Virus	País	% Positivos con anticuerpos virales	% Positivos con ácidos nucleicos virales	Zoonosis	Infección en animales domésticos	Referencias
CSFV	Croacia	39		no	si	Zupancic et al. (2002)
	Eslovenia	3				Vengust et al. (2006a)
	Suiza	31	34			Schnyder et al. (2002)
	Francia	<1				Albina et al. (2000)

Cuadro 3 Tasa de prevalencia de CSFV en diferentes países.

La mortalidad puede alcanzar un máximo del 100% de 10 a 30 días dependiendo de la edad del animal y la virulencia del virus.¹⁰

Fritzemeier menciona, que casi el 60% los brotes de peste porcina clásica en Alemania entre 1993 y 1998 están relacionados con cerdos ferales.¹⁰

Existen animales que pueden vivir por meses los cuales tiene una infección crónica, manteniendo un estado de portador, los afectados pueden desarrollar anticuerpos que en algunos casos solo están presentes de manera intermitente y no afectan la eliminación viral.¹⁰

En 2006 Kaden menciona, que en países como: Renania, Palatinado, Luxemburgo y República Eslovaca, el control de la enfermedad se basa en la vacuna de cebo de la cepa C y comprende tres campañas de vacunación: en primavera, verano y otoño. Por lo que, cada campaña de vacunación consta de dos vacunas en un intervalo de aproximadamente cuatro semanas.⁵⁵

Los siguientes parámetros del procedimiento de inmunización deberían ser considerados en cualquier programa de control y erradicación, según Kaden:

- 1) La distribución será aproximadamente de 0.5 a 1 punto de alimentación (cebo/km²), contemplando la densidad de la población y el biotopo. Pues así bien, cada punto de alimentación debe tener al menos 200 m² de superficie para ser eficaz.
- 2) La colocación de las cubiertas serán de 20 a 40 cebos por sitio dependiendo la población.
- 3) Deberá existir una prohibición de cazar en el sitio del cebo durante al menos cinco días después de cada administración, para garantizar un consumo eficaz del cebo.
- 3) Se deberá revisar los cebos o ampollas de vacunas y serán retirados cinco días después de la colocación del segundo cebo.
- 4) La vacunación debe continuarse durante al menos un año después de la detección del último animal positivo para este virus.⁵⁵

Matsuyama menciona, la peste porcina clásica en Japón muestra una tasa de letalidad similar y una tasa de recuperación más baja en comparación con las estimaciones para los países europeos.⁶²

Shimizu, menciona, en Japón, CSFV resurgió en el año 2018. Poco tiempo después del primer caso se notificó en una explotación porcina, un cerdo feral muerto con PPC, la infección se encontró a una distancia de 7.4 km de la granja.¹¹⁰

Sin embargo, Mintiens en el 2005 concluye que en el Este de las poblaciones están libres de esta enfermedad.⁷⁰

Por otro lado, posterior a la implementación de estrictas medidas de control, varios países lograron erradicar la peste porcina clásica de sus producciones. Sin embargo, en los países con mayor producción porcina, esta enfermedad está presente de manera esporádica; además de ser endémica en varios países como: América del Sur y Central, partes de Europa del Este y países vecinos como Asia.¹⁰

Peste porcina africana

ASFV, es un virus de ADN en la familia *Asfarviridae*, es altamente resistente a la inactivación por la temperatura y el pH ácido; puede persistir en carnes congeladas o crudas durante semanas o meses.⁶⁵ Es un gran virus de ADN de doble cadena, el virión tiene una estructura muy compleja y un diámetro total de 175–215 nm.¹¹

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad hemorrágica viral con letalidad e alta en cerdos domésticos y jabalíes euroasiáticos.¹¹

Lei menciona en el 2020 que, las garrapatas son el único medio de transmisión de esta enfermedad; por lo tanto, la vía de transmisión horizontal y vertical.⁶⁰

Por lo tanto, tienen tres ciclos de transmisión:

- a) Cerdo-cerdo
- b) Cerdo-garrapata blanda-cerdo feral
- c) Cerdo-garrapata blanda⁶⁰

Estudios relatan otros medios de transmisión, como los aerosoles en distancias cortas, aunque la distancia no supera los 2 m. Así como la mosca de las uñas *Stomoxys* spp quien resulta como un trasmisor.⁶⁰

Actualmente, no se ha confirmado la transmisión sexual, pero a partir de las secreciones genitales de los cerdos infectados se puede detectar ASFV.⁶⁰

El ASFV es endémico en muchos países africanos y también en Cerdeña, Italia. Además del cerdo doméstico, el virus de la peste porcina africana también infecta a los jabalíes europeos y suidos salvajes africanos como los jabalíes y el cerdo gigante del bosque.⁶⁵

La enfermedad es de notificación obligatoria a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). La enfermedad implica huéspedes desde los cerdos domésticos, huéspedes de reservorio en la vida silvestre, como: jabalíes y otros animales salvajes, fómites como: cadáveres, herramientas y vectores artrópodos competentes como las garrapatas blandas.¹¹

El virus es muy estable en el medio ambiente y en la carne cruda de cerdo, además el ambiente fresco, húmedo y rico en proteínas favorece la supervivencia. Por lo tanto, el virus de la peste porcina africana sigue siendo infeccioso en la carne refrigerada hasta por 15 semanas, hasta seis meses en jamón en conserva, y 399 días en jamón de Parma; en el estiércol líquido, se

observó durante más de 100 días, en sangre líquida, el virus sobrevive 18 meses a temperatura ambiente y hasta seis años a 4 °C.¹¹

Para inactivar el virus de la peste porcina africana, se puede usar hipoclorito de sodio al 2 % o 3 % en el agua potable o en las aguas residuales. Además, se pueden utilizar vehículos y utensilios como compuestos de yodo, hidróxido de sodio al 1%-2% o o-fenilfenol al 3%.⁶⁰

Los signos clínicos de la PPA dependen de la virulencia de la cepa y la edad y el estado inmunitario de los animales.¹¹

Aparte de las enfermedades agudas parecidas a la fiebre hemorrágica, las enfermedades crónicas y pueden ocurrir cursos subclínicos. Los signos clínicos a menudo son no específicos e incluyen: fiebre alta, anorexia, trastornos respiratorios y gastrointestinales, cianosis, ataxia y muerte hiperaguda y las cerdas gestantes pueden abortar y tener fiebre.¹¹

Las cepas virulentas causan principalmente una infección hiperaguda o aguda, y la infección tarda de 4 a 9 días. La morbilidad y la mortalidad pueden llegar al 100%.⁶⁰

Sin embargo, las cepas moderadamente virulentas causan principalmente infecciones subagudas. Donde la tasa de mortalidad de los lechones es más alta que la de los cerdos adultos, de hasta 30% al 70%. Mientras que, las cepas moderadamente virulentas causan principalmente infecciones subagudas.⁶⁰

En cuanto a los hallazgos anatomopatológico: es común observar aumento de tamaño de ganglios linfáticos, hemorragias en el parénquima hepático y estómago, esplenomegalia, petequias en riñones, vejiga y estómago, edema pulmonar y gastritis hemorrágica. esplenomegalia, petequias en riñones, vejiga y estómago, edema pulmonar y gastritis hemorrágica.¹¹

Palgrave menciona, que esta enfermedad causa fiebre hemorrágica aguda y rápida letalidad en cerdos domésticos (*Sus scrofa*), a lo que se le atribuye una gran cantidad de citocinas proinflamatorias impulsada por macrófagos infectados del virus. Por lo que, más tarde existe una respuesta inflamatoria sistémica resultando en perturbaciones cardiovasculares severas, lo que conduce en un colapso cardiovascular muy parecido al shock séptico.⁸³

Saxmose menciona que, existen casos positivos en áreas donde los cadáveres infectados no

tienen un correcto manejo presentan un riesgo de transmisión adicional, son especialmente en regiones europeas donde las temperaturas ambientales son bajas y la persistencia de canales es prolongada.¹⁰⁷

En consecuencia, existe en los animales apoptosis generalizada de macrófagos infectados y no infectados y los linfocitos son prominentes en la enfermedad, relacionado con los niveles de citoquinas proinflamatorias.⁸³

Torque Teno Virus (TTV)

El TTV detectado el genotipo G2, que ahora se clasifica como Torque teno sus virus 2 (TTSuV2). Los TTV son un grupo descrito recientemente de virus de ADN monocatenario circular que están muy extendidas en las poblaciones de cerdos domésticos en todo el mundo incluyendo Canadá, con ADN TTV detectable en el 100%.⁶⁴

En Europa el jabalí tiene cepas específicas de TTSuV, con genotipos más altos de lo esperado diversidad, son capaces de sufrir eventos de recombinación de cepas TTSuV en cerdos domésticos que permiten la emergencia rápida de nuevas cepas.⁶⁴

PCV-2

PCV-2 es el agente causante de PCVAD y es un pequeño virus de ADN circular monocatenario.⁶⁵

Hay poca información disponible sobre las infecciones por PCV2 en los cerdos salvajes.¹⁰⁰

PCV-2 se caracteriza por emaciación, ganglios linfáticos agrandados, ictericia y pérdida de peso en cerdos destetados afectados y depleción linfoide que es la lesión microscópica distintiva.⁶⁵

Vicente en el 2004, menciona que la enfermedad se describió inicialmente en Canadá, sin embargo, se han reportado casos en todo el mundo, excepto en Oceanía.¹²⁴

Actualmente, varios síndromes complejos, incluida la falla reproductiva, enteritis, neumonía y dermatitis necrosante, se han relacionado con la infección por PCV2. Esto se complica aún más por las coinfecciones.⁶⁵

Existen una alta tasa de infección por PCV2 en cerdos silvestres, aunque se desconoce el papel particular de estos animales en la transmisión de PCV2 a los cerdos domésticos.⁶⁵

Morandi menciona, que existe una amplia propagación de la infección y ausencia de una correlación entre esto y la descripción patológica. La inmunohistoquímica (IHC) e hibridación in situ (ISH), son las pruebas oro para el diagnóstico de PCV-2.⁷¹

Se sabe por encuestas serológicas que PCV2 es ubicuo ya que está presente en granjas, con una prevalencia serológica cerca del 100 % en cerdos de engorde en todo el mundo.¹²⁴

Hay mayor sensibilidad del PCR, esto proporciona información precisa en evaluar la prevalencia de infección en cerdos ferales.⁷¹

McGregor en 2015 menciona que la infección por PCV-2 es común en cerdos domésticos en Canadá con una seroprevalencia del 82.4%; la transmisión se produce principalmente a través del contacto directo, por lo que existe menor prevalencia en el cerdo feral⁶⁴

Jeoung menciona en el 2015, haber tenido una prevalencia alta de anticuerpos contra PCV-2 en cerdos salvajes coreanos, a pesar de que la población de cerdos mestizos está libre de este virus desde 2010 según el Sistema Integrado de Sanidad Animal de Corea (KAHIS).¹²⁸

Rudova menciona, se cree que PCV2 puede propagarse entre países a través de la migración de animales silvestres, mediante el comercio de alimentos contaminados o cerdos subclínicamente infectados.⁹⁷

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 36.4% de los animales fueron positivos a Síndrome respiratorio reproductivo a la prueba ELISA²⁶

PCV3

Los circovirus son los virus más pequeños que se conocen. Se caracterizan por una cadena circular monocatenaria y un genoma de ADN con menos de 2000 nucleótidos y viriones icosaédricos no envueltos, de 14 a 17 nm de diámetro. Los miembros de esta familia están constituidos por 60 subunidades proteicas de la cápside.⁸⁹

Se han encontrado virus en diversas especies como: aves, peces, insectos y mamíferos. Tres especies de circovirus infectan a los cerdos: Circovirus porcino 1 (PCV1), identificado en un cultivo celular y PCV2 en cerdos con síndrome de desgaste multisistémico (PMWS).⁸⁹

PCV3 es un nuevo miembro del género *Circovirus*, en la familia *Circoviridae*, este fue detectado en una granja en Carolina del Norte en 2017, con importantes diferencias en la

secuencia en comparación con PCV1 y PCV2, pero más relacionados con heces de murciélago.⁸⁹

Los genomas de PCV-2 y PCV-3 consisten en 1766-1769 y 1999–2001 nucleotidos.⁸⁹

PCV3 se ha detectado en animales en: EUA, China, Corea del Sur, Polonia, Brasil, Tailandia, España, Dinamarca, Suecia, Italia, Rusia y Alemania.⁸⁹

Prinz en el 2019, menciona que previamente a su estudio no existía información de PCV-3 en cerdos ferales. Sin embargo, los datos demuestran por primera vez que PCV3 si se llegan a encontrar en cerdos ferales alemanes e indican que PCV3 es frecuente entre los cerdos ferales de Europa.⁸⁹

PRRS

PRRSV, es un virus de ARN de sentido positivo y de cadena sencilla, perteneciente a la familia *Arteriviridae*, del orden de los *Nidovirales*¹¹² es el causante de la enfermedad con mayor impacto económico que enfrenta la industria porcina industrial.⁶⁵

Es un pequeño virus, envolvente con un ARN monocatenario de sentido positivo, con genoma de aproximadamente 15 kb de longitud que codifica en al menos nueve ORF. Los genes más grandes y conservados son ORF1a y ORF1b, que codifican la ARN polimerasa viral. Por otra parte, ORF5 codifica la principal proteína de la envoltura y se utiliza a menudo para análisis filogenéticos y caracterización molecular.¹¹²

Existen diferencias genéticas, de PRRSV, que dan lugar a dos genotipos:

- Tipo 1, virus de Europa
- Tipo 2, virus de América del Norte y Asia.

Los dos tipos son de 55–70 % idénticos a nivel de nucleótidos.¹¹²

En cuanto a las afectaciones, los cerdos de destete infectados por el PRRSV desarrollan enfermedades respiratorias, las cerdas infectadas desarrollan fallas reproductivas. Además, el virus puede provocar una infección persistente dificultando el control.⁶⁵

Existen interacciones entre PRRS y otros patógenos porcinos que participan en el complejo respiratorio porcino.⁶⁵

La prevalencia de esta enfermedad va desde el 11% en Francia hasta 0% en países como España o Croacia. Como se muestra en el cuadro realizado por Meng (Cuadro 4).⁶⁵

Virus	País	% Positivos con anticuerpos virales	% Positivos con ácidos nucleicos virales	Zoonosis	Infección en animales domésticos	Referencia
PRRSV	Francia	11				Albina et al. (2000)
	EUA	2				Saliki et al. (1998)
	España	0		no	si	Ruiz-Fons et al. (2006)
	Croacia	0				Zupancic et al. (2002)

Cuadro 4 Prevalencia de PRRSV en diferentes países

Además, es más probable que las enfermedades reproductivas afecten el desarrollo embrionario o fetal que la actividad ovárica.¹⁰⁰

El papel del jabalí en la transmisión de PRRS a los cerdos domésticos no está claro aún. Sin embargo, existen diversos estudios que tratan de explicarlo. ⁶⁵ McGregor en 2015 menciona, que existe una ausencia de evidencia serológica de exposición a PRRS en jabalíes en EUA, donde oscila entre el 0 % y el 2 %, incluso en zonas con alta prevalencia de PRRS en cerdos domésticos.⁶⁴

Debido a la baja seroprevalencia de PRRS y aparente resistencia a la infección por PRRS, no se cree que los jabalíes sean reservorios significativos de PRRS.⁶⁴

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 13% de los animales fueron positivos a Síndrome respiratorio reproductivo a la prueba ELISA.²⁶

Stankevicius menciona haber encontrado en su estudio en el año 2016 una prevalencia de 18.66% en Lituania.¹¹²

TGE

Virus de la gastroenteritis transmisible (TGEV) y coronavirus respiratorio porcino (PRCV) son responsables de signos gastrointestinales y respiratorios.⁹⁹

Ruiz menciona que, TGE ha sido descrito en la mayoría de los países del mundo, pero su importancia ha disminuido con el tiempo desde que se inmunizará a los cerdos contra la infección por TGEV.⁹⁹

Hay poca información disponible sobre el coronavirus, las infecciones en cerdos ferales en EUA no mostraron anticuerpos contra TGEV.⁹⁹

McGregor en 2015 menciona, que la ausencia de evidencia serológica de exposición a TGE es baja en cerdos ferales en varios lugares de Europa y EUA. Esto indicando que la transmisión de esta enfermedad a los cerdos domésticos por los cerdos ferales es poco probable.⁶⁴

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y el 0% de los animales fueron positivos a TGE a la prueba de ELISA.

Hepatitis E

HEV, es un virus de ARN de sentido positivo de cadena sencilla, pertenece a la familia *Hepeviridae*, es un ARN monocatenario, virus positivo que pertenece al género *Orthohepevirus*.⁴⁷ La hepatitis E, se transmite principalmente a través de la vía fecal-oral, y agua contaminada.⁶⁵

Existe evidencia directa de que el jabalí puede llegar a transmitir la enfermedad al humano.⁶⁵ Fredriksson en el año 2020, señala que el 18% de los animales que estudio (181 animales) fueron detectados con anticuerpos ante esta enfermedad.³⁹

Cheng, menciona en Japón, se han relacionado 4 casos de hepatitis E asociados al consumo de carne de venado cruda, y varios se han relacionado epidemiológicamente con comer hígado de cerdo cocinado.²¹

Barroso menciona, el VHE es una de las principales causas de hepatitis aguda en todo el mundo y afecta a más de 20 millones personas anualmente.⁹

El HEV es un patógeno multihuésped clasificado en ocho genotipos (HEV-1 al 8)⁹, los genotipos 1 y 2 están asociados con epidemias, mientras que los genotipos 3 y 4 causan casos esporádicos de hepatitis E. Actualmente, los virus identificados en cerdos pertenecen al genotipo 3 o 4, los cuales pueden llegar a causar casos esporádicos de hepatitis E aguda. Existen análisis genéticos y filogenéticos de las secuencias genómicas del VHE, revelan que el HEV porcino está directamente relacionado con los genotipos 3 y 4 del HEV humano. Además, un estudio genómico reveló que la secuencia de HEV de un verraco era un 99.7% igual al virus de un ciervo salvaje cazado e igual al de cuatro pacientes que consumieron carne de venado y contrajeron hepatitis E confirmando la posible transmisión entre especies.⁶⁵

Schollosser menciona en el 2014, que en Asia y Europa altas seroprevalencias de HEV en cerdos ferales.¹⁰⁸ Las poblaciones de jabalíes en Japón, Alemania, Italia, España y Australia están normalmente infectadas por HEV.⁶⁵

En consecuencia, en Alemania, el cerdo feral es una de las fuentes principales de infecciones autóctonas humanas de HEV.¹⁰⁸

Por otra parte, los casos esporádicos y grupales de hepatitis E aguda se han relacionado con el consumo de alimentos crudos o poco cocidos de hígados de cerdo. Pues, aproximadamente el 2 % de los hígados vendidos en supermercados locales en Japón y el 11% en los EUA dieron positivo a esta enfermedad.⁶⁵

Rivero en el 2018, menciona que su estudio tuvo una seroprevalencia de 23.2% en el sur de España, y mostrando variaciones de acuerdo a la temporada de caza y con una mayor seroprevalencia en Octubre y la primer semana de Noviembre.⁹⁵

Kaba en el año 2010 menciona ser el primero en identificar de HEV en cerdos ferales en Francia, aunado a esto, la alta identidad de nucleótidos entre las secuencias de HEV recuperadas en el estudio en el sur de Francia sugiere que estos animales podrían representar una fuente de VHE autóctono, con un potencial de transmisión a humanos en esta área geográfica.⁵⁴

En 2018 Spancerniene reporta, la prevalencia de ARN viral en cerdos ferales, corzos, ciervos rojos y alces fue de: 17.03-25.94%, 12.90-22.58%, 0-6.67% y 0-7.69%, respectivamente. Sin embargo, aunque exista una alta densidades de cerdos salvajes y ciervos en Lituania, el estudio sugiere que los ciervos pueden contraer HEV de los cerdos salvajes en los casos en que ambas especies comparten el mismo hábitat.¹¹¹

Takahashi menciona que su estudio supone la transmisión entre especies está ocurriendo entre ciervos y cerdos en su vida salvaje, ya que el HEV del jabalí (JBOAR1-Hyo04) y del venado (JDEER-Hyo03L) eran casi idéntico.¹¹⁴

Barroso menciona que el desprendimiento de partículas HEV excretadas entéricamente en el medio ambiente juega un papel importante en la transmisión del virus, ya que estas han sido detectadas en grupos en humanos, cerdos y vida silvestre de la misma región geográfica, además de en aguas residuales, superficiales y residuales.⁹

Citomegalovirus

El citomegalovirus porcino (PCMV) es un virus de ADN envuelto, llamado *Suid betaherpesvirus*, es un miembro de la familia *Herpesviridae*, pertenece a la subfamilia *Betaherpesvirinae* y ha sido recientemente asignado al género *Roseolovirus*.³¹

Afecta a las poblaciones domésticas de *Sus scrofa* en todo el mundo y se define como una amenaza para la industria porcina al ser un virus inmunosupresor.³¹

Se denominó originalmente como "rinitis por cuerpos de inclusión". La transmisión viral puede ocurrir a través de la vía oronasal o vía transplacentaria.³¹

Los animales adultos suelen mostrar manifestaciones leves o nulas, con dificultades respiratorias, la infección congénita puede causar problemas reproductivos como las pérdidas por mortalidad fetal.³¹

Según Maio fue encontrado que el 56% de los individuos estudiados portaban el virus en la Patagonia.³¹

Síndrome de la fiebre grave con trombocitopenia

El síndrome de la fiebre grave con trombocitopenia (SFTS) es una enfermedad emergente que se informó por primera vez en China y ha sido identificado en Corea del Sur y Japón.⁴⁸

Pertenece al género *Flebovirus* de la familia *Bunyaviridae*. Existen reportes que humanos parecen poder infectarse por la picadura de una garrapata infectada, como lo es *Haemaphysalis longicornis*, estudios relatan que existen anticuerpos anti-SFTSV, que han sido identificados en animales domésticos y salvajes, como: ovejas, vacas y perros, por lo que SFTS circula entre garrapatas y animales silvestres.⁴⁸

Los signos de SFTS incluyen: fiebre, enteritis, trombocitopenia y leucopenia, con porcentajes de mortalidad de hasta un 30%. No existen tratamientos específicos o vacuna.⁴⁸

Hayasaka menciona en el año 2016, que se detectaron muestras seropositivas en cuatro de las seis áreas de estudio en Nagasaki. La seropositividad de IgG: 51, 25, 0, 19, 0 y 1.4% en Nagasaki, Omura, Sasebo, Matsuura, Tsushima y Kamigoto, respectivamente.⁴⁸

Min menciona, se han detectado SFTSV en Vietnam y Taiwán.⁶⁹⁾

2.- Enfermedades bacterianas

Meng en 2009, menciona que los cerdos ferales son reservorio, portadores y dispersores de diferentes patógenos que pueden llegar a infectar al ganado, animales de compañía y humanos.¹⁸

Campilobacteriosis

Campylobacter spp y *Salmonella* spp es uno de los dos agentes bacterianos más reportados en Europa aunado a su poder estos son zoonotico.¹⁸

Campylobacter spp es una bacteria Gram negativa, no forma esporas, que habita en el intestino de sus huéspedes, expresa flagelos en el extremo polar; ⁷³ que puede llegar a presentar signología e incluso sin sinología y de esta manera el hospedador puede trasportar la enfermedad silenciosamente a otros individuos del ecosistema que los rodea.¹⁷

El flagelo se compone de dos flagelinas homologas, la mayor (FlaA) y la menor (FlaB). El gen flaA es responsable de la adhesión y colonización del tracto gastrointestinal e invasión de las células huésped y flaB llega a ser no prescindible para la motilidad de este microorganismo.⁷³

Morita, en 2022, menciona que el gen cadF codifica a la proteína de la membrana externa; CadF de *C. jejuni* se adhiere a fibronectina, proteína presente en los enterocitos.

El gen cfrA, que es una proteína de membrana externa que quela los hierros. Además, CfrA permite que las bacterias absorban iones de hierro incluso en un ambiente donde el huésped tiene deficiencia de iones de hierro. Otro dato importante por parte de este autor, es que describe en su trabajo que a pesar de que se ha informado que *C. jejuni* induce carcinoma gastrointestinal y tienen algunos genes relacionados con la patogenicidad las cepas analizadas por él no portaban ninguno de los genes implicados en desarrollar carcinoma gastrointestinal, como vacA, cagA y oipA.⁷³

También produce la toxina conocida como toxina de distensión citoletal (o también llamada: CDT). Que tiene tres subunidades: CdtA, CdtB y CdtC, codificadas por tres genes consecutivos: cdtA, cdtB, y cdtC, respectivamente. Estos son producidos por *C. jejuni*, *C. coli* y *C. fetus*; los genes CDT de *C. hyointestinalis* se subdividen a su vez en dos tipos: chcdt-I y chcdt-II y codifican a CDT único. Las cepas de *C. hyointestinalis* se han aislado de varios animales. Como se muestra en el cuadro realizado por Morita (Cuadro 5).⁷³

	fliP	+	+	+	+	+	+	+
	fliQ	+	+	+	+	+	+	+
	fliR	+	+	+	+	+	+	+
	flaC	+	+	+	+	+	+	+
	ciaB	+	+	+	+	+	+	+
	htrA	+	+	+	+	+	+	+
Sistema de glicosilación ligado a N	pgl	+	+	+	+	+	+	+
Sistema de absorción de hierro	cfrA	+	+	+	-	+	+	+
	fur	+	+	+	+	+	+	+
Resistencia a medicamentos	cmeA	+	+	+	+	+	+	+
	cmeB	+	+	+	+	+	+	+
	cmeC	+	+	+	+	+	+	+
Respuesta al estrés	spoT	+	+	+	+	+	+	+
	katA	+	+	+	+	+	+	+
	ahpC	+	+	+	+	+	+	+
	tpx	+	+	+	+	+	+	+
	sod	+	+	+	+	+	+	+
	dnaJ	+	+	+	+	+	+	+

Cuadro 5 Genes en *C. jejuni*, *C. coli* y *C. hyointestinalis*.

En 2005, la campilobacteriosis ha sido la enfermedad más reportada en Europa, de las cuales las variedades son:¹⁸

- *Campylobacter jejuni* , presente en un 83.1%
- *Campylobacter coli*, presente en un 10.8 %¹⁸

Estas enfermedades se asocian con neuropatías que incluyen artritis reactiva, Síndrome de Guillain-Barré, colon irritable y síndromes de Miller Fisher.⁷³

Castillo en 2022, relata que se aisló e identificó *Campylobacter coli*, *C. lanienae* y *C. hyointestinalis* de hasta 130 cerdos ferales y observó que *C. lanienae* se encuentra en mayor medida en zonas poco urbanizadas respecto a zonas con mayor grado de urbanización. Como se muestra a continuación (Cuadro 6).¹⁸

	<i>C. lanienae</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. jejuni</i>	Coinfección (<i>C. lanienae</i> and <i>C. coli</i>)	Coinfección (<i>C. lanienae</i> and <i>C. hyointestinalis</i>)	<i>Campylobacter</i> sp.
Barcelona	18.8% (6/32)	18.8% (6/32)	0% (0/32)	6.3% (2/32)	3.1% (1/32)	0% (0/32)
Collserola	53.4% (39/73)	8.21% (6/73)	0% (0/73)	1.4% (1/73)	0% (0/73)	1.4% (1/73)
UAB	36% (9/25)	20% (5/25)	0% (0/25)	8% (2/25)	0% (0/25)	4% (1/25)
Total	41.5% 54/130	13.1% (17/130)	0% (0/130)	3.8% (5/130)	0.8% (1/130)	1.5% (2/130)

Cuadro 6 Mayor prevalencia de *Campylobacter* spp en zonas menos urbanizadas que mayormente urbanizadas.

Se ha informado que la prevalencia en jabalíes es del 1.6% para *C. jejuni* y 6.3% para *C. coli* en España.⁷³

Morita, en el año 2022 menciona que la prevalencia que obtuvo de *C. hyointestinalis* fue mayor en el jabalí que en el ciervo salvaje.⁷³

Las muestras de mayor valor diagnóstico son: hisopados de heces fecales, muestras de hígado y riñón.¹⁷

Este agente es sensible al calor y no sobrevive en la superficie de una canal seca; por lo tanto la carne de los animales infectados es de bajo riesgo.³⁹ La temperatura óptima para aislar *C. hyointestinalis* es de menor a 37 °C; respecto a *C. jejuni* o *C. coli* que es de 42 °C.⁷³

La resistencia ante los antimicrobianos resulta de suma importancia ya que esta bacteria, la tiene a las fluoroquinolonas, tetraciclinas, aminoglucoídos y macrólidos⁷³

Anaplasmosis

Anaplasma phagocytophilum es un patógeno transmitido por garrapatas que causa anaplasmosis granulocítica en humanos (HGA), anaplasmosis granulocítica equina, canina y fiebre transmitida por garrapatas en rumiantes.⁷⁷

La epidemiología de *A. phagocytophilum* está estrechamente relacionada con la ecología de su principal vector, la garrapata dura del género *Ixodes*.⁷⁷

Los vectores más representativos incluyen *I. ricinus* en Europa, *I. persulcatus* en Asia, *I. scapularis* en el este y medio oeste de Estados Unidos e *I. pacificus* en California.⁷⁷

A. phagocytophilum también se ha detectado en garrapatas duras como *Boophilus*, *Dermacentor*, *Hyalomma* y *Rhipicephalus*.⁷⁷

En Europa, los cérvidos salvajes, en particular los corzos (*Capreolus capreolus*) son reconocidos como huéspedes capaces de continuar el ciclo de vida para *A. fagocitofilo*. La presencia de *A. phagocytophilum* en cerdos ferales ha sido documentada en varios países de Europa del Este, y de igual manera en Japón. Sin embargo, el papel de estos animales en la epidemiología de *A. phagocytophilum* no está completamente descrito.⁷⁷

La anaplasmosis granulocítica por *A. phagocytophilum* es la infección transmitida por garrapatas más extendida en animales.⁷⁷ Es por ello que, Nahayo en 2014 menciona que en Bélgica se logró identificar a animales positivos mediante PCR.⁷⁷

Nahayo en el 2014, realizó un estudio donde clasificó a los animales por edades: Adultos (mayores de 2 años), subadultos (1-2 años), lechones (mayores a 6 meses), lechones (menores a 6 meses) y edades desconocidas, los resultados se muestran en el siguiente cuadro (Cuadro 7).⁷⁷

Edad	Sexo			Total
	Hembras	Machos	Género desconocido	
Adultos > 2 años	73 (1)	76	1	150
Sub adultos 1-2 años	32	34	0	66
Lechones > 6 meses	87 (2)	97 (1)	3	187
Lechones < 6 meses	34 (1)	22	3	59
Edades desconocidas	24	25	2	51
Total	250	254	9	513

Cuadro 7 Presencia de anaplasmosis por edades en cerdos salvajes.

Salmonelosis

Puede transmitirse fácilmente desde las amígdalas y las heces a la canal y órganos viscerales durante la evisceración, normalmente debido a la mala higiene de la caza en el campo; por lo que los residuos del matadero no deben dejarse de lado en el bosque o en el medio ambiente; pues es un riesgo para la transmisión a otros animales salvajes y domésticos.³⁹

Por otra parte, de la investigación del mismo autor, resultó que *Salmonella* spp solo estuvo presente un 3% de las 130 muestras obtenidas a lo que concluyó que los cerdos ferales no son reservorio de este agente y que está sustentado con diversos reportes en varias partes del mundo

como lo son: República Checa y Japón. En cuanto a *Salmonella*, las variedades de interés salud pública son: *S. serovars enteritidis* y *typhimurium*³⁹

la salmonelosis en humanos fue reportada por la variedad:

- *Salmonella entérica* subsp. Entérica¹⁸

Fredriksson en el año 2020, menciona que se encontraron anticuerpos de *Salmonella* en el 33% de 161 cerdos ferales de su estudio en Finlandia. Añadido a esto menciona que los machos son 2 a 3 veces más propensos en ser portadores de anticuerpos de esta enfermedad, así como de *Yersinia* y *Trichinella*. Como se muestra en el cuadro realizado por Fredriksson (Cuadro 8).³⁹

Anticuerpos para	Variables		Seropositividad N (%)	Valor P
<i>Salmonella</i>	Edad	Joven	34 (39)	>0.05
		Adulto	34 (39)	
	Género	Femenino	28 (33)	
		Masculino	40 (43)	
Ningún patógeno	Edad	Joven	63(71)	>0.05
		Adulto	66(75)	
	Género	Femenino	54 (64)	0.017
		Masculino	75(81)	

Cuadro 8 Seropositividad ante *Salmonella* y a ningún patógeno por edad y género en cerdos salvajes.

En España la seroprevalencia de esta enfermedad es del 11%, en cambio en Suecia es del 27% principalmente reportado en las amígdalas.³⁹

La bioseguridad es clave para reducir el riesgo de la introducción de *Salmonella* de la vida silvestre a la cadena de producción de carne de cerdo.³⁹

Pérez en el año 2017, identificó 100% seropositividad de los 70 animales estudiados en México, de las que incluyen *S. typhimurium*, *S. cholerasuis* y *S. derby*.⁸⁵

Yersiniosis

La yersiniosis es la cuarta enfermedad zoonótica con mayor frecuencia en Europa. Esta enfermedad está compuesta por varios géneros algunos de ellos son: *Y. pseudotuberculosis*, *Y. enterocolitica*, y *Y. pestis*. El cerdo es el principal reservorio de este agente en particular de *Y. enterocolitica*, el serotipo aislado es: 4/O:3, mismo que causa enfermedades en humanos; el serotipo 2/ O:3 de *Y. pseudotuberculosis* también ha sido identificado en cerdos salvajes y de igual modo se ha encontrado en humanos.⁵

Cabe resaltar que las ovejas son de igual manera reservorios de este agente, aunque no parece haber registros de la infección por *Yersinia* spp; éste microorganismo causa abortos esporádicos.⁵

Existen muy pocos estudios que describan la prevalencia de esta enfermedad en los cerdos ferales, Arrausi y sus colaboradores, muestrearon 505 cerdos ferales donde obtuvieron suero y amígdalas se realizaron pruebas de laboratorio como: rt-PCR, ELISA y análisis bacteriológico con agar *Yersinia* CIN (Cefsulodin-Irgasan-Novobiocina selectivo para *Y. enterocolitica*). La prevalencia de *Y. enterocolitica* y *Y. pseudotuberculosis* fue del 52.5%, otro punto interesante es que señalan que los cerdos producidos orgánicamente tuvieron mayor prevalencia a lo esperado, esto se atribuye al contacto entre fauna silvestre y el ganado producido de manera extensiva; finalmente la mayor prevalencia resultó en primavera e invierno, que aunque no existen investigaciones que mencionen la prevalencia por estacionalidad de *Yersinia* spp en cerdos ferales, si existe en otros animales silvestres donde la prevalencia mayor es el periodo de noviembre a mayo.⁵

También menciona que las muestras de ese trabajo fueron clasificadas por fueron clasificadas por edad, sexo, año de muestreo y estación del año, quienes tuvieron mayor seroprevalencia fueron: Adultos, hembras y en invierno. Además de observarse mayor % de positividad en la coinfección de *Y. pseudotuberculosis* y *enterocolitica*. Como se muestra a continuación (Cuadro 9 y 10).⁵

Variab	N	ELISA (%)
Edad		
Joven	102	41.2
Adulto	98	82.7
Sexo		
Hembra	104	63.5
Macho	118	61
Año de muestreo		
2001	12	58.3
2002	10	100
2003	167	44.3
2004	80	51.3
2005	67	70.2
2006	53	73.6
2010	25	48
2011	40	37.5
2012	17	52.9
Estación del año		

Invierno	168	64.3
Primavera	29	65.5
Verano	5	0
Otoño	269	47.2

Cuadro 9 Seropositividad mediante ELISA por edad, sexo, año de muestreo y estación del año.

Variables	N	YE y YP (%)	YE (%)	YP(%)
Edad				
Joven	25	72	48	36
Adulto	20	50	40	15
Sexo				
Hembra	30	63.3	40	36.7
Macho	19	63.2	47.4	21.1
Año de muestreo				
2010	23	78.3	56.5	39.1
2011	32	21.9	21.9	0
2012	17	70.6	23.5	52.9
Estación del año				
Invierno	8	62.5	62.5	12.5
Primavera	9	77.8	22.2	66.7
Verano	10	50	30	20
Otoño	45	44.4	31.1	20

Cuadro 10 Seropositividad mediante ELISA por edad, sexo, año de muestreo y estación del año.

En adición, Hayashidani en 2002 menciona que *Y. pseudotuberculosis*, *Y. enterocolitica*, *Y. frederiksenii* y *Y. aldovei*, fueron aislados en 47 verracos que equivalen al 36% de 131 cerdos salvajes. Además, la *Yersinia pseudotuberculosis* aislada mostró reacciones positivas asociadas a la virulencia como: dependencia del calcio y autoaglutinación.⁴⁹

Fredriksson en el año 2020 menciona en su estudio que 56% de los animales (181 animales totales) resultaron con anticuerpos ante esta enfermedad; añadido a esto menciona que la edad influyó ya que en verracos fue mayor la probabilidad de encontrar anticuerpos respecto a los cerdos jóvenes. Adicional a esto, se encontraron estos animales seropositivos ante el serotipo O:1 y ST42 de *Y. pseudotuberculosis*.³⁹

Y. enterocolitica y *Y. pseudotuberculosis* han sido detectados en particular en las amígdalas, en consecuencia constituye un riesgo de contaminación de las canales durante el sacrificio.³⁹

En Japón, *Y. pseudotuberculosis* se ha aislado de animales salvajes como: perros mapaches (*Nyctereutes procyonoides*), ciervo japonés (*Cervus nippon*), liebre japonesa (*Lepus brachyurus*), marta japonesa (*Martes melampus*), ratones de campo japoneses (*Apodemus speciosus*) y escribanos de cara negra (*Emberiza spodocephala*).⁵²

Tuberculosis

Los cerdos ferales son huéspedes de varias micobacterias entre ellas destaca *Mycobacterium bovis* que tiene la gama de huéspedes más amplia en comparación con cualquier otro miembro del género *Mycobacterium*. Esta es una enfermedad infectocontagiosa granulomatosa que actualmente prevalece en la vida silvestre y en el ganado.⁷

La tuberculosis es una amenaza importante para la conservación de la vida silvestre, la producción animal y la salud humana en todo el mundo.⁹⁰

La brucelosis puede no ser evidente entre los animales vivos; las cerdas infectadas aún pueden dar a luz, aunque después de algunos ciclos estrales de descanso sexual y en cambio los machos infectados pueden permanecer fértil toda su vida.¹²⁵

Los reservorios de tuberculosis aumentan a medida que disminuye la prevalencia en el ganado ya que el derrame de la vida silvestre dificulta la erradicación en especies.⁹²

Mycobacterium microti es un miembro de la *Mycobacterium* complejo *terium tuberculosis* (MTBC), que también incluye *M. tuberculosis* y *M. bovis*, que son las principales causas de tuberculosis humana y animal (TB), respectivamente.⁸⁴

Causa una infección persistente con producción de granulomas en los ganglios linfáticos y los pulmones, y puede convertirse en un efecto sistémico.⁶⁵

La transmisión puede ser directa e indirecta, aunque en muchos países ya ha sido controlada o erradicada, el papel del cerdo feral es de gran importancia, pues es la principal especie trasmisora asociado al estrecho contacto que tienen con el ganado, son capaces de prevalecer la enfermedad en el medio sin la necesidad de tener ganado cercano y es por ello que los cerdos ferales son utilizados como centinelas en la vigilancia de algunos programas para esta enfermedad.⁸ En adición, los estudios en regiones de alta prevalencia han mostrado altas proporciones de TB generalizada con afectación pulmonar en cerdos ferales, lo que sugiere fuertemente excreción oro-nasal y fecal.⁷⁵

Por otro lado, Varela-Castro y sus colegas en 2020, encontraron una correlación inversa entre la prevalencia de TB en jabalíes y las ubicaciones de ganado infectado, y asociaron estos hallazgos a una mayor diseminación intraespecie del patógeno.¹⁰³

El papel de los jabalíes como hospedador sin salida, indirecto, de mantenimiento y el verdadero reservorio de la vida silvestre de la tuberculosis bovina ha sido debatido de manera continua.⁶⁵

Sin embargo, hay otros autores que mencionan que el jabalí y sus parientes con frecuencia se consideran huéspedes indirectos o sin salida en lugar de verdaderos reservorios.⁷⁸

Hay que reconocer entre los tipos de hospedador.

- a) Los hospedadores de mantenimiento: son aquellos que pueden mantener la infección en un área en ausencia de cruce transmisión de otras especies de animales domésticos o silvestres animales.
- b) Los hospedadores indirectos necesitan una adquisición continua de infección de otras especies para mantener la infección
- c) Los huéspedes indirectos pueden actuar como vectores de enfermedades.⁷⁸

La transmisión de *M. bovis* depende de un número de factores que incluyen:

- a) El número de animales infectados
- b) El número de animales susceptibles animales
- c) Las vías de infección
- d) La localización anatómica de la infección y las lesiones
- e) La estructura de las lesiones tuberculosas
- f) Las rutas y niveles de excreción de patógenos
- g) El mínimo dosis infectiva por cada vía de infección⁷⁸

En general, la vía de infección más eficaz entre las especies de vida silvestre y de la vida silvestre a animales domésticos es la vía aérea.⁷⁸

En la España mediterránea existe una mayor prevalencia y es donde el cerdo feral actúa como reservorio. Como se muestra en el cuadro realizado por Naranjo (Cuadro 11).⁷⁸

	Australia	España	Referencias
Animales/km ²	<11	>90	Corner et al. (1981); Acevedo et al. (2007)
Prevalencia de TB	0–40%	18–100%	Corner et al. (1981); Wakelin and Churchman (1991); Knowles (1994); Lugton (1997); Vicente et al. (2006, 2007)
Tendencia de la prevalencia	Decreciente	Incremento	Parra et al. (2006); Corner (2006)
Lesiones pulmonares	No	38–52%	Corner et al. (1981); Gortazar et al. (2003); Martín-Hernando et al. (2007)

Porcentaje generalizado	25%	58%	Corner et al. (1981); Marti n-Hernando et al. (2007)
Estatus del huésped	Spillover	Reservorio	Corner (2006); Vicente et al. (2006, 2007)

Cuadro 11 Prevalencia en España y Australia.

No obstante el control de esta enfermedad se ha llevado a cabo en la vida silvestre con la vacuna *M. bovis* bacilli Calmette-Guerin (BCG), ⁷actualmente existen pruebas serológicas para la detección de esta enfermedad en los cerdos ferales, destacan de estos el ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA), que aunque es de bajo costo tiene diversas desventajas como: la utilización de un alto número de muestras de suero sanguíneo que se deben obtener y la alta mortalidad que puede causar debido al estrés postcaptura en estos animales. ⁸En adición, para probar anticuerpos en estos animales, el ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas indirecto (ELISA) se usan derivado de proteína bovina purificada (bPPD) que se ha desarrollado recientemente⁹² y que en consecuencia, Barasona en el 2020 informó que el fluido oral puede llegar a ser un tipo de muestra muy eficaz en comparación al suero sanguíneo, como lo son utilizados en la diagnostico de peste porcina clásica y la fiebre aftosa en los cerdos ferales. Esta oportunidad resulta de gran interés ya que pueden llegar a tener una mayor detección de manera individual en una población y con un menor número de muestras. Esta investigación de Barasona, mostró la correlación que tiene el resultado de pruebas tales como ELISA con sueros sanguíneos y con fluidos orales. De la misma forma ELISA con fluido oral tuvo una sensibilidad del 67.3% y una especificidad del 100%, la sensibilidad tan baja se atribuye a la menor cantidad de IgG a diferencia del suero sanguíneo y aunque en la vigilancia rutinaria resultaría de mucha ayuda en esta tarea.⁸

Sannino en el año 2021, menciona en su estudio que es necesario considerar que el establecimiento de mecanismos de la persistencia de la infección en poblaciones silvestres es complejo, pues resulta de la combinación de varios factores como: la densidad de especies silvestres, las interacciones social entre ellas, los hábitos alimenticios de los animales, la persistencia de bacterias vitales en el medio ambiente, la interacción con mascotas infectadas y la influencia del hombre, gracias a las prácticas de caza y la modificación del hábitat, como son las construcciones de cercas y obstáculos, o el abandono de cultivos.¹⁰³

La infección puede ocurrir sólo esporádicamente o persistir dentro del cerdo feral en presencia de otra fuente de infección en el ecosistema, como se observó en Italia.⁹⁴

De la misma forma, la prueba de tuberculina ha sido utilizada en estos animales, pero requiere una captura, una manipulación consecutiva y tiene baja especificidad.⁷

Por otra parte, esta enfermedad se puede detectar por pruebas histológicas primero por tinción con hematoxilina y eosina, luego por tinción de Ziehl-Neelsen de bacilos acidorresistentes.⁸⁴ Además mediante PCR; pero el cultivo bacteriológico se considera la prueba de referencia para el diagnóstico de esta enfermedad, ya que la mayoría de las otras técnicas carecen de sensibilidad y/o especificidad.¹⁰⁶

Santos, 2010 menciona, que el cultivo bacteriológico puede dar resultado de falsos negativos, resultando en algo problemático cuando otros métodos de diagnóstico se evalúan. Por otra parte, la prueba de referencia se dice que tiene una sensibilidad del 100%, lo que es poco realista y generar expectativas y parámetros falsos para los otros métodos de diagnóstico que se puede utilizar. El mismo autor menciona que en su estudio encontró que la especificidad estimada es regular a buena para las pruebas con PCR y por otro lado la patología macroscópica es la mejor técnica diagnóstica. En adición, la detección de BAAR en láminas histológicas dice no tener un valor como técnica diagnóstica debido a una sensibilidad extremadamente baja.¹⁰⁶

Continuando con el tema el PCR; las pruebas de biología molecular funcionan peor en tejidos que contienen pocas micobacterias, que parece ser el caso de la mayoría de estos animales y Santos menciona que existe una gran dificultad de amplificar ADN micobacteriano de muestras que contienen muchas más cantidades de ADN eucariótico. Por lo que el gen MPB70 ha sido ampliamente utilizado como un objetivo para la detección del ADN micobacteriano.¹⁰⁶

Otra prueba que resulta interesante es el rosa de bengala o conocida como RBT, la cual es más sensible pero menos específica que el cELISA. Esta menor especificidad se debe principalmente a las reacciones cruzadas con *Yersinia enterocolitica* serotipo O:9, sin embargo, las infecciones con esta última en cerdos ferales es relativamente rara.¹²⁶

El aislamiento bacteriano es necesario para probar la infección y, en conjunto con la serología, para determinar con precisión la etapa de la infección que presentan los animales.¹²⁶

Wu, 2011 menciona que la rPCR es una de las más sensibles pruebas diagnósticas y método específico para la detección de *Brucella* spp. porque también detecta bacterias muertas y bajas cargas bacterianas que no son detectable por cultivo.¹²⁶

El diagnóstico basado en anticuerpos ha sido ampliamente utilizado en jabalíes y cerdos asilvestrados debido a su facilidad de uso y buen rendimiento en general. El antígeno más

utilizado es el purificado derivado proteico obtenido de *M. bovis* (PPD bovino o bPPD), en cambio actualmente se están buscando el uso de antígenos más específicos, como MPB83, MPB70 o CFP10/ESAT-6.¹¹⁵

La prueba ELISA se considera una herramienta útil como una primera detección en la vida silvestre, debido a su velocidad, facilidad de uso y costo relativamente bajo.¹²¹ Actualmente se están realizando nuevos ensayos de ELISA con una proteína subcompleja inmunopurificada obtenida de bPPD, denominada P22 y compuesta por varios antígenos, incluidos MPB70, MPB83, ESAT-6 y CFP-10 que ha proporcionado una alta sensibilidad y especificidad. Thomas en el 2019, menciona haber realizado su estudio con P22, ya que existe un alta Sp que se atribuye a que el antígeno P22 comparte menos proteínas que bPPD con otras micobacterias que no pertenecen a la tuberculosis. Por lo que en el mismo estudio relata utilizando P22 un Sp del 98.4%.¹¹⁵

En adición a este tema el cloruro de hexa-decil-piridini se ha demostrado ser el mejor descontaminante para el aislamiento de *M. bovis* en las muestras, aunque disminuye la viabilidad de *M. bovis* a altas concentraciones.¹⁰⁶

La tuberculosis bovina es una enfermedad emergente para el cerdo ibérico; Por supuesto que el ganado bovino es el huésped natural de *M. bovis*, y es por ello que es fácil concluir que anteriormente la infección pasó de ellos a las especies de caza y por consiguiente a la vida silvestre. En cambio, el ganado es actualmente la especie bajo campañas de control y vigilancia. Por lo cual, la transmisión es ahora del ciervo y el jabalí al ganado.³²

Países como Nueva Zelanda, Irlandas, Inglaterra, Sudáfrica y Estados Unidos de América han estado interesados en investigar los reservorios silvestres de esta enfermedad, con el fin de comprender la patogenia y así obtener un control eficaz.⁷

Queirós menciona, la tuberculosis es responsable del 30% aproximadamente de la tasa de mortalidad total en jabalíes adultos.⁹⁰

Antes de 1933 las lesiones tuberculosas en animales que fueron cazados eran muy raras. Bollo en el 2000, menciona que los tejidos comúnmente afectados son los ganglios linfáticos de la cabeza, aunque pueden aparecer lesiones en los órganos digestivos, esto gracias a que estos animales son gregarios por comportamiento, así como el fácil acceso que tienen a otras fuentes de infección, como lo son los cadáveres de ciervos con TBb por su comportamiento carroñero de los cerdos ferales⁴¹

En casos con TBb localizada, los granulomas se caracterizaron por una población mixta de células inflamatorias mientras que los granulomas calcificados fuertemente necróticos eran más prevalente en casos con infección tuberculosa generalizada.⁷⁸

Por otra parte el elevado número de lesiones generalizadas que se pueden llegar a encontrar en estos animales otros autores lo asocian como resultado de la sensibilidad de esta especie a la infección por TBb.⁴¹

Las características patológicas de las lesiones tuberculosas y el daño tisular asociado en varios órganos indican que al menos aquellos animales con lesiones grandes y generalizados infecciones tienen el potencial de excretar *M. bovis* por varias rutas, lo que refuerza el potencial de esta especie como un verdadero reservorio de TB.⁷⁸

En la actualidad, la dosis infectiva mínima de *M. bovis* para el jabalí es desconocido. Sin embargo, el hallazgo de lesiones tuberculosas con gran número de micobacteria en los pulmones sugiere que el mínimo infeccioso la dosis puede alcanzarse al menos a través de las vías respiratorias. Por ejemplo, el mínimo la dosis de infección en el ganado es de cinco bacilos o menos si administrado por aerosol a los pulmones.⁷⁸

Añadido a esto, la TBb en animales domésticos cuando es controlada o erradicada, indica la incidencia de infección en la vida silvestre, esta también disminuye, lo que sugiere que los animales domésticos podrían ser la fuente inicial de infección de TBb para los jabalíes. Es por ello que, si las poblaciones de vida silvestre siguen siendo pequeñas y no entran en contacto con animales domésticos, pueden actuar como huéspedes de mantenimiento, aunque cuando se cría un mayor número de jabalíes en áreas confinadas, pueden sufrir infecciones graves de TBb y convertirse en la fuente de infección para otros huéspedes.⁶⁵

De todas las especies de ganado doméstico, el cerdo se considera los más susceptibles a la infección por *M. bovis*.⁸¹ Los cerdos ferales eran un huésped final y no una fuente de infección de bTB, esto se justifica ya que la ausencia de lesiones pulmonares, la falta de otras rutas obvias de excreción de cerdos infectados y la falta de contacto entre jabalíes y otras especies, en particular el búfalo de agua y el ganado.⁷⁸

Un alto nivel de la heterocigosidad genética se relaciona con la susceptibilidad reducida la infección y una progresión más lenta de la enfermedad en los individuos infectados.⁸¹

Asimismo, se conoce que la tuberculosis en la vida silvestre interviene en el éxito de programa de erradicación del ganado bovino y forma parte de un gran riesgo de especies que son

amenazadas como es el lince ibérico que vive en estos ecosistemas y caza animales que pueden llegar a estar infectados con tuberculosis entre los que destaca el cerdo feral.³²

Ejemplos de otros animales salvajes que sirven como reservas de *M. bovis* incluyen rumiantes como el búfalo africano y bisontes canadienses. Además, el tejón europeo, la zarigüeya bushtail, venado cola blanca. Son clave para un brote de esta enfermedad.⁶⁵

Muñoz describe en su escrito que hay tres anfitriones de mantenimiento de MTC de vida silvestre importantes en Europa, como, el tejón euroasiático (*Meles meles*), principalmente en el Reino Unido y la República de Irlanda, el jabalí euroasiático (*Sus scrofa*), principalmente en la España mediterránea y Portugal y ciervos pertenecientes a la subfamilia *Cervinae* como el ciervo rojo (*Cervus elaphus*) en varias regiones a lo largo Europa.⁷⁵ Otro autor menciona otros animales silvestres como el bisonte canadiense (*Bison bison*), búfalo africano (*Syncerus caffer*), la zarigüeya cola de cepillo (*Trichosurus vulpecula*), el venado cola blanca (*Odocoileus virginianus*)⁷⁸

En el año 2018 Queirós, menciona en su estudio que, en Iberia, la prevalencia de la infección alcanza más del 60% en jabalíes, lo que representa la mayor prevalencia de TB reportada a nivel mundial hasta la fecha.⁹⁰

En el año 2006 Mendoza, menciona que el estudio dio un aumento de detección de tuberculosis en los cerdos ferales que, en el ciervo, que aunque la tendencia en el ganado a esta enfermedad tiende a disminuir año con año gracias a los programas de control y vigilancia que se realizan en el ganado. En este estudio Mendoza menciona que la tuberculosis se desarrolló de manera independiente a la del ganado a pesar de ello en 1997/1998 hubo un primer pico que coincidió en las dos especies y en el 2003 resultó un segundo pico donde destacó el cerdo feral por mucho.³²

La TB enzoótica ha sido previamente reportado en jabalíes en Italia, con una prevalencia del hasta el 15%.¹²³

Durante la infección por micobacterias, las respuestas inmunitarias celulares predominantes conducen a la destrucción a través de la liberación de citoquinas y especies altamente reactivas que resultan en daño tisular relacionado al estrés oxidativo, mediante los efectos negativos del óxido nítrico se conduce a daños celulares disruptivos a las membranas de los tejidos, escisión de proteínas, acumulación de lípidos, principalmente ácidos grasos poliinsaturados (PUFA), y respiración mitocondrial excesiva. Nol menciona que la mayoría de los compuestos

identificados como significativos en el aliento de jabalí juvenil eran derivados de alcanos (nueve compuestos), aromáticos (benceno), un alqueno y un éster. La mayor parte de los COV del aliento identificados en juveniles el jabalí exhibió concentraciones mejoradas en animales positivos para MTBC. Los alcanos y derivados de alcanos se observaron previamente en el aliento de humanos como productos COV del estrés oxidativo correlacionados con la tuberculosis pulmonar activa, mientras que los derivados del benceno fueron identificados como metabolitos volátiles de *M. tuberculosis* in vitro.⁷⁸

Se cree que los derivados de los alcanos, como el 3-metilpentano, el decano y el heptacosano, se originan como subproductos de la peroxidación lipídica durante la patogénesis de MTBC. Los derivados aromáticos α -metilestireno y 1,3-bis(1,1-dimetiletil)-benceno fueron aumentaron significativamente en las muestras de aliento de jabalí MTBC positivos, mientras que El 2,5-bis(1,1-dimetiletil)-fenol exhibió una mayor concentración en las muestras de aliento de animales MTBC negativos. Es posible que las bacterias intestinales produzcan compuestos fenólicos a partir del metabolismo de los aminoácidos aromáticos. Aunque los compuestos aromáticos estaban relacionados con enfermedades del tracto respiratorio, su aparición en el aire exhalado a menudo corresponde a orígenes exógenos y son generalizada en el cuerpo, por lo que su papel como biomarcadores específicos para enfermedades infecciosas parece ser dudoso⁷⁸

Los COV excretados en las heces de los animales con MTBC positivo podrían estar relacionados con su funcionalidad polar, haciéndolos así solubles en fluidos corporales y permitiendo la excreción a través de otros fluidos corporales. La acetona, la única cetona identificada como importante en jabalíes jóvenes, podría ser atribuido al aumento de la actividad metabólica durante la infección por micobacterias.⁷⁸

Se relata en algunos estudios que algunos animales tienen lesiones que no contiene una capa fibrosa, lo que permite la excreción por varias vías. Santos en el 2009 menciona que los mismos patrones se observaron en su estudio, por lo que la infección por *M. bovis* en jabalí en Portugal se asoció mayormente consistentemente con la abundancia de los ungulados salvajes.¹⁰⁵

Nol, en el año 2020 realizó el primer reporte de identificación de compuestos orgánicos volátiles obtenidos del aliento y heces de jabalí para distinguir entre jabalí MTBC positivo y MTBC negativo. Nol menciona, que aliento de los COV fecales teniendo mayor prevalencia en machos adultos. Como se muestra en el cuadro realizado por Nol (Cuadro 12).⁷⁹

Edad	Número de animales			
	MTBC-Negativos		MTBC- Positivos	
	Macho	Hembra	Macho	Hembra
Adulto	2	4	4	2
Sub-adulto	-	3	3	1
Juvenil	4	6	3	2
Total	6	12	10	5

Cuadro 12 Número de animales machos y hembras por edades resultado de estudiar los COV fecales.

En definitiva, el cerdo feral es clave para el control y mitigación de esta enfermedad. En conjunto se deberá de tener suma importancia en la detección precoz y la vigilancia sanitaria de los que incluyen aspectos como: bioseguridad, vacunación y sacrificio de estos animales.⁸

La tuberculosis es extremadamente difícil de erradicar, el único ejemplo exitoso es Australia, donde *M. bovis* fue erradicado por despoblación de su huésped de mantenimiento, el búfalo de agua (*Bubalus bubalis*).¹⁰⁵

Santos menciona haber encontrado que los parámetros PPV y VPN, están influenciados por la prevalencia de la enfermedad en la población de estudio que en su caso fueron los cerdos ferales. En consecuencia, VPN es especialmente relevante en el contexto de sistemas de inspección de la carne de caza, destinados a reducir el riesgo de exposición humana a *M. bovis* zoonótica.¹⁰⁶

Varela en el 2020, menciona que se conocía que el aumento de la seroprevalencia es la distancia entre jabalíes y granjas TB positivas. Aunque, esta asociación se mostró en el estudio de Varela justo lo contrario, ya que la probabilidad de que los jabalíes fueran positivos aumentaba a mayor distancia a las granjas. Además de ello, el porcentaje de arbustos se asoció positivamente con la seroprevalencia, pues la cobertura de arbustos es atractivo para la supervivencia, porque les puede proporcionar un buen refugio; si bien no producen una agregación de estos animales, pueden desviar sus movimientos, obligándolos a utilizar los mismos caminos y limitando la excreción y exposición a la bacteria. En adición, la cobertura de arbustos también proporciona un microhábitat húmedo protegido del sol que provoca la supervivencia y persistencia de las micobacterias en el medio ambiente¹²¹

Se considera que los agricultores y los cazadores son poblaciones en riesgo principalmente por la cercanía que tienen con el manejo de cadáveres.⁹⁴

Wu en 2012 menciona que, el riesgo de *B. suis* a los cerdos domésticos puede haber sido muy bajo hasta en su estudio en Suiza, la situación cambiaría debido al aumento de las poblaciones de los cerdos ferales y a la prevalencia de *B. suis* en estos mismos.¹²⁵

Por otra parte, Wu añade, que las granjas porcinas al aire libre con poca electricidad sin cerco eléctrico o mejor conocida como producción extensiva, ubicado hasta 500 m entre la granja y un bosque dentro del área con distribución de poblaciones de cerdos ferales y alejado de edificios, tienen un riesgo grave de interacciones con estos animales silvestres y necesitan una mejor protección. En consecuencia, agrega, que los cerdos ferales parecen ser más atraído por las cerdas que por la comida.¹²⁵

Gortazar en 2014, menciona que los factores como la variación del período entre la administración de las dos dosis de la vacuna podría llegar a afectar la eficacia protectora de la vacunación. La revacunación oral de jabalíes con BCG produce una fuerte expuesta protectora contra el desafío con una cepa de campo y no es contraproducente.⁴⁵

Clamidiasis

Existe una escasez de datos de esta enfermedad en la vida silvestre esto debido a problemas generales del diagnóstico por dificultad en el cultivo, ya que son bacterias intracelulares obligadas.⁵²

A pesar de que existen animales que puedan adquirir esta enfermedad, en ocasiones menciona Hotzel en el 2004 que la posibilidad de que estos verracos adquirieran clamidia a través del contacto con cerdos domésticos resulta improbable cuando las prácticas de cría de animales en el mundo con sistemas de campo libre o extensivos son muy raros y específicos.⁵²

Por otra parte, se menciona que *C. abortus* posiblemente está asociada con el aborto y *C. suis* es capaz de causar neumonía, así como conjuntivitis y lesiones intestinales. En adición *C. psittaci*, está muy extendido entre las aves silvestres, lo que indica una vía potencial de transmisión. *psittaciseem* llega a ser genéticamente homóloga e incluso podrá decirse que idéntica, a cepas aviares que representan el agente causal de psitacosis.⁵²

Estudios relatan la baja tasa de detección en muestras de intestino, por lo que no sugiere la este órgano como reservorio de las clamidias para animales.⁵²

Corinebacteriosis

El género *Corynebacterium* abarca más de cien especies y un poco menos de la mitad se ha encontrado afectando a los humano y animales. Algunas especies no causan signos, en cambio otras pueden llegar a causar infecciones graves; Por ejemplo *C. ulcerans* puede colonizar a

animales y humanos por ello se considera una enfermedad zoonótica, es importante señalar que esta especie es la que se ha llegado a encontrar en los cerdos ferales.¹⁵

Busch en el 2019 menciona que *C. ulcerans* fue aislada en un cerdo feral después de la casa, la inoculo en Columbia Blood Agar, el crecimiento de las colonias no mostró hemólisis, tuvieron un aspecto ceroso y finalmente se cultivaron en una infusión de cerebro corazón con suero fetal bovino al 10% y 0.05% de Tween 80. Este estudio fue la primera investigación que aisló una cepa de *Corynebacterium ulcerans* y demostró la importancia que tienen los cerdos ferales en la patogenia, control y monitoreo de esta enfermedad.¹⁵

En adición, los animales pueden llegar a presentar: linfadenitis caseosa o necrotizante en especial con *C. pseudotuberculosis* que está ampliamente difundida entre el ganado.¹⁵

Rodococosis equina

Rhodococcus equi es una bacteria Gram positiva, intracelular acultativo, asociada a lesiones piogranulomatosas, donde afecta a potros y humanos; además de paciente inmunocomprometidos, los cerdos ferales han resultado de igual manera infectados por esta bacteria, gracia a una cepa de virulencia intermedia (VapB), esta enfermedad únicamente afecta el sistema linfático y no existen evidencias que existan daños pulmonares.¹⁷

La virulencia de esta bacteria resulta en: su cápsula, colesterol oxidasa y en adición a las proteínas asociadas a los plásmidos, estos últimos determina la patogenicidad de la bacteria la cual está en completa relación con la supervivencia de esta bacteria en los macrófagos.¹⁷

La virulencia está clasificada en:

- Virulentos (VapA), esta cepa infecta mayormente a los caballos
- Intermediamente virulento (VapB), infecta mayormente a los cerdos, humanos positivos a VIH y animales silvestres, los cuales incluyen a los cerdos ferales
- Avirulentos

En Brasil 1980 se informó el primer caso de bronconeumonía en el cerdo feral causado por *R. equi*, el cual llevaba un plásmido: VapB tipo 8; asimismo en el mismo país esta cepa infectó principalmente a pacientes positivos con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH).¹⁷

Esta bacteria ha sido aislada en; heces e intestinos, dientes de algunos animales herbívoros y omnívoros de entre los que destacan los bovinos, ovinos, equinos, venados, caprinos y porcinos.¹⁷

Así pues, Castagna en el año 2013, seleccionó cerdos ferales del Distrito Federal en Brasil, que mostraban signos como: disnea, hiporexia, letargo, tos persistente y estertores. Posteriormente se obtuvieron muestras como ganglios linfáticos y pulmones. Al realizar la necropsia se encontró que los pulmones tenían áreas coalescentes multifocales y lesiones granulomatosas, con un tono rojo oscuro, agregado a esto se encontraron áreas consolidadas en los lóbulos craneales y el ventral; además de exudado en la luz bronquial. Con esto demostró que puede llegar a haber lesiones pulmonares, la infección de *R. equi* se asocia con inmunosupresión y coinfecciones con algunos patógenos.¹⁷

Leptospirosis

La leptospirosis es una enfermedad causada por una espiroqueta gran negativa, este género tiene más de 260 serovariedades clasificados como:²³

- Patógenos, causantes infecciones severas y graves
- Intermedios, podrían llegar a ser patógenos
- Saprotos, están presentes en el medio ambiente y no son patógenos²³

El cerdo feral es un y la enfermedad tiene mayor incidencia en zonas tropicales, subtropicales y templadas.²³

Los animales reservorio no desarrollan signos, o los desarrollan después de mucho tiempo, este patógeno se aloja en el riñón de su hospedador con el fin de continuar con la excreción mediante la orina y produciendo de esta manera infecciones a los hospedadores incidentales.²³

Las serovariedades más comunes que afectan a estos animales son: *L.pomona*, *L. Tarassovi*, y *L. Bratislava*.²³

Por otro lado, los humedales, canales de riego y otros cuerpos de agua juegan un papel importante en esta enfermedad.²³

Cilia en el año 2020 menciona que se obtuvieron muestras de suero, hígado y riñón de 287 cerdos ferales cazados y reportó que *L. trassovi*, pudo ser aislada, aunque únicamente se había identificado en cerdos domésticos, con esto se logró comprobar que el cerdo feral es un reservorio de esta serovar, añadido a esto se encontró que el hígado no es un órgano blanco para esta enfermedad en el cerdo feral. Donde se muestra mayor porcentaje de positivos en Livorno en cerdos ferales machos juveniles. Como se muestra a continuación (Cuadro 13).²³

Estación de caza	Provincia	Sexo	Edad	Núm. Cerdos ferales examinados	Seropositivos MAT (%)	Riñones positivos PCR (%)
2018/2019 (n = 200)	Pisa n=58	Macho	Adulto	9	2 (22.2)	1 (11.1)
			Subadulto	10	2 (20.0)	4 (40.0)
			Juvenil	11	3 (27.3)	0
		Hembra	Adulto	14	2 (14.3)	2 (14.3)
			Subadulto	5	1 (20.0)	2 (40.0)
			Juvenil	9	1 (11.1)	2 (22.2)
	Grosseto n=75	Macho	Adulto	10	2 (20.0)	2 (20.0)
			Subadulto	5	1 (20.0)	0
	Juvenil		14	1 (7.1)	3 (21.4)	
	Hembra	Adulto	22	2 (9.09)	1 (4.6)	
		Subadulto	5	0	0	
		Juvenil	9	2 (10.5)	4 (21.1)	
Siena n=55	Macho	Adulto	10	2 (20.0)	0	
		Subadulto	4	1 (25.0)	0	
		Juvenil	8	0	1 (12.5)	
	Hembra	Adulto	21	5 (23.8)	3 (14.3)	
		Subadulto	2	0	0	
		Juvenil	10	1 (10.0)	3 (30.0)	
Livorno n=12	Macho	Adulto	2	0	0	
		Subadulto	0	0	0	
		Juvenil	2	1 (50.0)	1 (50.0)	
	Hembra	Adulto	4	1 (25.0)	1 (25.0)	
Subadulto	0	0	0			
Juvenil	4	2 (50.0)	1 (25.0)			
2019/2020 (n = 87)	Pisa n=38	Macho	Adulto	6	0	0
			Subadulto	4	0	0
	Juvenil		3	0	0	
	Hembra	Adulto	21	2 (9.52)	0	
		Subadulto	1	1 (100)	0	
		Juvenil	3	0	1 (33.3)	
	Grosseto n=37	Macho	Adulto	11	1 (9.09)	0
			Subadulto	1	0	0
			Juvenil	4	0	0
	Hembra	Adulto	10	1 (10.0)	0	
Subadulto		5	1 (20.0)	0		
Juvenil		6	1 (16.7)	0		
Lucca n= 12	Macho	Adulto	1	0	0	
		Subadulto	0	0	0	
Juvenil		3	0	0		
Hembra	Adulto	4	0	0		
	Subadulto	0	0	0		
	Juvenil	4	0	0		

Cuadro 13 Positividad a leptospirosis en diferentes estaciones del año y lugares de Italia.

Dentro de este marco, Cilia en el año 2021 por primera vez menciona que *L. fainei*, también conocida como leptospirosis genital afecta de igual manera a cerdos ferales. Particularmente los machos, resultaron positivos en muestras de epidídimo y testículo; pero negativos todos en

muestras de hígado, además de esta también fueron positivos a *L. Bratislava*. En esta perspectiva el autor añade que el cerdo feral es más resistente ante esta enfermedad que el cerdo doméstico, ya que este último está expuesto constantemente al estrés productivo en contra parte de los cerdos ferales.

Y finalmente agregado a esto los cerdos domésticos resultan dañados en mayor medida en los parámetros reproductivos que los cerdos ferales que han aumentado su tasa de natalidad.²⁴

En el año 2017, Cleveland realizó un estudio en EUA, donde se tomó muestra de 47 animales de diferentes edades, y todos los animales fueron positivos a al menos un patógeno, de modo que el 23.9% de animales resultaron positivos a la prueba de MAT e IHC para *L. interrogans*, las servares que resultaron positivas son: *L. Bratislava* con un 13%, *L. hardjo* 2.2%, *L. icterohaemorrhagie* 13% y *L. Pomona* 4.3%. Mientras que fueron negativos para las serovares: *L. canicola* y *L. grippotyphosa*. Adicional a este estudio, el mismo autor informó que los resultados son sorprendentes y parece ser infravalorada esta enfermedad ya que los animales resultaron positivos a varias serovares y los antígenos son de fácil acceso para las pruebas.²⁶

Pérez en el año 2017 menciona que, la presencia de anticuerpos fue mayor en los cerdos asilvestrados en libertad con un 29 % de positividad contra una o más de las nueve serovariedades que utilizamos para el diagnóstico, mientras que el grupo que presentó el menor porcentaje de anticuerpos fue el de cerdos domésticos (21 %). El rango de títulos de anticuerpos para *L. interrogans* fue de 1:100 a 1:800.⁸⁵

Brucelosis

La brucelosis es una enfermedad zoonótica causada por diferentes especies de *Brucella*. El cerdo feral, representa un reservorio en especial para *B. suis* biovar 2.²⁵

Brucella spp. es una bacteria cocobacilar Gram negativo, intracelular que infectan principalmente a las células fagocíticas después de la infección del huésped. *Brucella* spp. El reconocimiento de patógenos consta de varias etapas que comprenden desde la remodelación del citoesqueleto de actina y la generación de un fagosoma, el cual madura y se fusiona con el lisosoma para de esta manera crear un fagolisosoma, que por consiguiente destruye los microorganismos. No obstante, *Brucella* sp. ha demostrado que interrumpe este proceso dentro de la célula huésped, ya que esta, modifica el fagosoma en una vesícula unida a la membrana, la cual es nombrada a como vacuola que contiene *Brucella*, es por ello que se le impide al lisosoma la fusión.³⁶

Actualmente, ocho especies de *Brucella* afectan a un grupo específico de animales, incluida la *B. melitensis* lisa (ovejas y cabras), *B. suis* (cerdos), *B. abortus* (bovinos), *Brucella ceti* (delfines), *Brucella pinnipedialis* (focas), *Brucella neotome* (rata de madera), *Brucella canis áspera* (perros) y *Brucella ovis* (oveja).⁶⁵

Cilia en el 2021, recolectó muestras de nódulos, hígados, bazos y órganos del sistema reproductivo, la única detección fue a *B. suis*, esto fue gracias al control que tiene la región geográfica donde se realizó el estudio (Toscana). En total, en el estudio se encontraron 26 cerdos ferales positivos a *Brucella* spp ya sea por análisis serológico o molecular o ambos. Como se muestra en el cuadro realizado por Cilia (Cuadro 14).²⁵

Estación de caza	Provincia	Sexo	Edad	Núm. Cerdos ferales examinados	Seropositivos (%)	Linfonodos positivos PCR (%)	Epididimos positivos PCR (%)	Fetos Positivos PCR (%)
2018/2019 n= 200	Pisa n=58	Mach o	Adulto	9	0	0	0	
			Subadulto	10	3 (30.0)	0	2 (20.0)	
	Juvenil		11	0	0	0		
	Hembra	Adulto	14	1 (7.14)	0		0	
		Subadulto	5	0	0		0	
		Juvenil	9	2 (22.2)	1 (11.1)		0	
Grosseto	Mach o	Adulto	10	0	0	1 (10.0)		
		Subadulto	5	0	1 (20.0)	0		
	Hembra	Adulto	14	0	1 (7.14)	0		
		Subadulto	22	0	0		0	
Siena	Mach o	Adulto	5	1 (20.0)	0		0	
		Subadulto	19	1 (5.26)	0		0	
	Hembra	Adulto	10	0	0	1 (10.0)		
		Subadulto	4	0	0	0		
Livorno	Mach o	Adulto	8	0	0	0		
		Subadulto	21	1 (4.76)	0		0	
	Hembra	Adulto	2	0	0		0	
		Subadulto	10	0	0		0	
Livorno	Mach o	Adulto	2	0	1 (50.0)	0		
		Subadulto	0	0	0	0		
	Hembra	Adulto	2	1 (50.0)	0	0		
		Subadulto	4	0	0	0	0	
Livorno	Mach o	Adulto	4	0	0		0	
		Subadulto	0	0	0		0	
	Hembra	Adulto	4	0	0		0	
		Subadulto	4	0	0		0	

2019/20 20	Pisa	Mach o	Adulto Subadul to Juvenil	6 4 3	2 (33.4) 0 0	0 0 0	0 0 0	
		Hemb ra	Adulto Subadul to Juvenil	21 1 3	1 (4.76) 0 0	0 0 0		1 (4.76) 0 0
	Grosset o	Mach o	Adulto Subadul to Juvenil	11 1 4	1 (9.10) 0 0	0 0 0	1 (9.10) 0 0	
		Hemb ra	Adulto Subadul to Juvenil	10 5 6	1 (20.0) 0 0	0 0 0		0 0 0
	Lucca	Mach o	Adulto Subadul to Juvenil	1 0 3	1 (100) 0 0	0 0 0	0 0 0	
		Hemb ra	Adulto Subadul to Juvenil	4 0 4	0 0 0	0 0 0		0 0 0

Cuadro 14 Positividad a leptospirosis en diferentes estaciones del año y lugares de Italia.

El género *Brucella* incluye 12 especies que incluyen: *B. abortus*, *B. canis*, *B. ovis*, *B. suis*, *B. melitensis*, *B. neotomae*, *B. ceti*, *B. pinnipedialis*, *B. microti*, *B. inopinata*, *B. vulpis* y *B. papionis*. Cabe considerar que las especies que llegan a afectar a los cerdos domésticos y cerdos ferales son: *B. suis*, *B. abortus* y rara vez *B. melitensis*. Hace poco se aisló en República Checa *B. microti* del ganglio linfático de un cerdo feral.²⁵

La brucelosis porcina puede ser causada por tres biovariedades (incluyen de la 1–3). La biovar 2 es un patógeno importante en jabalíes (*Sus scrofa*) con una amplia distribución geográfica.⁴⁶

La transmisión de la bacteria *Brucella* ocurre durante la copulación y por el consumo de restos del parto infectado y abortos.⁴⁶

Autores también demuestran que aproximadamente el 23% de los jabalíes examinados en el estudio eran seropositivos para *Brucella* y que, por lo tanto, los jabalíes deberían considerarse como reservorios de vida silvestre de *B. suis* biovar 2.⁶⁵

La brucelosis en cerdos causada por *B. suis*, especialmente biovar 2, puede llegar a causar infección sistémica y crónica; la bacteriemia puede llegar a mantenerse durante meses y

mantenerse en el útero, causando metritis crónica. De hecho, en los machos, las infecciones genitales suelen aparecer con mayor frecuencia, con tropismo en el epidídimo.²⁵ Por otra parte, la infección de *B. suis* en vacas lecheras provoca la eliminación de bacterias en la leche y el desarrollo de anticuerpos, que concretamente no se pueden diferenciar de los anticuerpos contra *B. abortus* con las pruebas de diagnóstico serológico actuales.³⁶

Agregado a esto la brucelosis afecta parámetros como lo son: aborto, mortinatos, disminución del tamaño de camada, lechones débiles, infertilidad, orquitis, abscesos focales y epididimitis en machos.²⁵

N. Carr, en el año 2018 detectó una mayor exposición a enfermedades en poblaciones que son cazadas por perros que en aquellas que fueron cazadas por otros métodos, independientemente de la edad del cerdo.⁷⁶

Los jabalíes y la liebre europea (*Lepus capensis*) se consideran reservorios de transmisión de *B. suis* biovar 2 al ganado doméstico.⁴⁶ Las liebres pardas pueden actuar como reservorio de animales salvajes. Hasta donde sabemos, brucelosis en danés liebres marrones no se ha documentado desde 2002, y actualmente se desconoce si las liebres pardas danesas constituyen un riesgo de transmisión de la brucelosis a los jabalíes.⁸⁶

Si la infección por Aujeszky ocurre durante períodos de baja respuesta inmunitaria, deja a los cerdos ferales más vulnerables a infecciones secundarias como *Brucella* spp.⁷⁶

La dosis infecciosa mínima de *B. suis* para humanos es en el rango de 10 a 100 unidades formadoras de colonias, y hay muchos casos de infección humana debido a manipulación de jabalíes y jabalíes infectados.⁶⁵

La prueba de tarjeta no es una prueba específica para la detección de anticuerpos frente a *B. suis*, ya que también detecta a aquellos que actúan frente a *B. abortus* y *B. melitensis*. Sin embargo, nos permite conocer la presencia del antígeno *B. suis* dentro de la población. Además, el ganado bovino se infecta de manera natural con *B. suis* y potencialmente transmite el agente a los cerdos a través de los fluidos expulsados durante el parto, y también lo propaga por fetos abortados.⁸⁵

En Florida, la infección humana por *Brucella* spp. es la segunda infección zoonótica más informada, después de *Borrelia burgdorferi*, el agente causal de la enfermedad de Lyme.⁸⁵

El ganado comercial en los EUA se considera libre tanto de *Aujeszky* como de *Brucella* spp., aunque ambos patógenos están muy extendidos en las poblaciones de cerdos salvajes en todo el país, lo que crea el potencial para reinfección de hatos comerciales.⁷⁶

Actinobacilosis

Actinobacillus pleuropneumoniae es una causa frecuente de neumonía en cerdos domésticos y tiene un impacto económico en la industria porcina; su prevalencia en jabalíes en América del Norte no ha sido reportada previamente y a pesar de que *A. pleuropneumoniae* es común en los jabalíes de Europa, rara vez se asocia con signos clínicos.⁶⁴

Debido a que *A. pleuropneumoniae* es un patógeno obligado del tracto respiratorio porcino y solo hay 2 formas en que estos jabalíes podrían haberse convertido en animales infectados:

- a) El contacto con cerdos domésticos infectados, que requieren contacto cercano entre las 2 especies.
- b) La infección en los individuos escapados.⁵⁴

El riesgo de transmisión del serotipo 14 u otro de *A. pleuropneumoniae* a los cerdos domésticos es generalmente a través del contacto directo y aerosoles a distancias inferiores a 2.5 m. Además *A. pleuropneumoniae* puede viajar a más de 400 a 500 m dependiendo de los vientos dominantes, pero la transmisión a tales distancias no ha sido documentada⁶⁴

La alta prevalencia del serotipo 14, el cual es común en Europa, pero no ha sido previamente reportado en América del Norte, y la introducción de este serotipo a los cerdos domésticos locales será un problema, puesto que las vacunas contra *A. pleuropneumoniae* son específicas del serotipo 15 y las vacunas norteamericanas actuales no han probado para la protección contra el serotipo 14.⁶⁴

Cleveland en 2017 realizó un estudio en donde de los 47 animales, donde el 93.2% resultaron positivos por la prueba de ELISA para *Actinobacillus pleuropneumoniae* de los cuales las servares:

- 1,2,9,11 un 56.11%
- 10,12 un 27.3%
- 3,6,8,15 un 86.4%
- 4,5,7 un 72.7%²⁶

McGregor en el 2015 menciona, que en su estudio se encontró la exposición a *A. pleuropneumoniae* en los 20 jabalíes analizados en Saskatchewan, Canadá. Como se muestra en el cuadro realizado por McGregor (Cuadro 15).⁶⁴

Serotipos	Positivos	Sospechosos
APP 1 (9,11)	0	0
APP 5a,5b	0	0
APP 2	0	0
APP 3 (6,8,15)	5	0
APP 7 (4)	1	0
APP 10	4	0
APP 12	15	1
APP 13	1	3
APP 14	7	1

Cuadro 15 Positividad a los serotipos de APP.

Lawsoniosis

McGregor en 2015 menciona que existe una alta seroprevalencia de *L. intracellularis*, la cual es una enfermedad común y económicamente importante, que causa diarrea severa y en estos jabalíes es una preocupación ya que los jabalíes son conocidos como un reservorio potencial de este patógeno en Europa. Además, se ha informado en América del Norte, que los jabalíes son comúnmente negativos, en contra parte en Europa y Asia suelen ser positivos en serología o PCR de heces y mucosa intestinal, las cuales son muestras ideales para esta enfermedad.⁶⁴

Los jabalíes infectados pueden despedir la bacteria de forma intermitente durante más de 12 semanas después de la infección.⁶⁴

Cleveland en 2017 realizó un estudio en donde de los 47 animales, donde el 93.2% resultaron positivos por la prueba ELISA a *Lawsonia intracellularis*.²⁶

Micoplasmosis

Mycoplasma hyopneumoniae es la principal causa de neumonía enzoótica (EP) o también llamada miconeumonía plasmática en porcinos, es una enfermedad con baja mortalidad, pero alta morbilidad, teniendo un gran impacto económico mundial. En Suiza, la EP ya está

erradicada, aunque se observan brotes sin una posible fuente, por ende, sospecha de que los jabalíes podrían introducir *M. hyopneumoniae* en las piaras. En Suiza, la EP ha sido erradicada con éxito, sin embargo, se cree que los jabalíes podrían introducir *M. hyopneumoniae* en las piaras.⁵⁷

Kunhert en el 2014, menciona en el primer estudio realizado en comparación de cepas en cerdos ferales; que se detectaron brotes en seis granjas de cerdos causados por una misma cepa nunca encontrada en jabalí, por lo que la propagación entre granjas es debido al transporte de animales. Se concluyo debido a los resultados que la presencia de linajes idénticos de cepas de jabalí y cerdo doméstico es posible y que la transmisión de *M. hyopneumoniae* entre jabalí y cerdo es real.⁵⁷

Por otro lado, el papel del jabalí podría ser como un receptor más que un transmisor.⁵⁷

Esta enfermedad se caracteriza por un ciclo esporádico y no productivo de tos, tasa de crecimiento retardada y e ineficiencia en la conversión alimenticia en la piara. Añadido a esto la infección ocurre a través del contacto con secreciones respiratorias de animales portadores; aunque una transmisión aérea a lo largo de varios kilómetros también lo informan algunos autores.⁵⁷

Es importante señalar que *M. hyopneumoniae* puede persistir en los órganos de los cerdos incluso después del tratamiento con antibióticos.⁵⁷

Por lo tanto, el papel del jabalí como reservorio ha sido poco estudiado en esta enfermedad, únicamente se tienen datos como las seroprevalencias del 21% en Eslovenia y España, así como el 32% en algunos estados de los EUA.⁵⁷

El genotipo es tomado en cuenta como herramienta molecular para la epidemiología de esta enfermedad y ha demostrado ser de gran utilidad para la investigación de los brotes en cerdos domésticos, en contraparte en el caso de la utilización de esta técnica en los cerdos ferales presenta sus limitantes entre las que destaca es que los pulmones muestran menos lesiones macroscópica y por lo tanto, decidir el muestreo preciso resulta difícil, además el genotipo directamente a partir de frotis de pulmón de jabalí fue menos exitoso que el de cerdo doméstico; el PCR en tiempo real es de gran utilidad para la detección de *M. hyopneumoniae* en jabalí, la cual es dependiendo de la cantidad de ADN del organismo presente.⁵⁸

Las pruebas indirectas resultan ser buenas, pero es algo indispensable el aislamiento para la confirmación de la enfermedad en estos casos, así lo menciona Kunhert,⁵⁷

Para resaltar más de una cepa se puede presentar en el cerdo feral. El hecho de que se detectan micoplasmas en cantidades menores en jabalíes que en enfermos de cerdos domésticos, lo que significa que hay menos descarga de microorganismos en comparación con los cerdos domésticos y en el medio ambiente la contaminación por *M. hyopneumoniae* es mucho más alto en los alrededores de una granja porcina con brotes de lo que es alrededor de un animal salvaje individual infectado o incluso una horda de jabalíes positiva.⁵⁷

Listeriosis

El aislamiento de esta enfermedad es gracias a la toma de muestra de bazo y riñones.³⁹

En Finlandia *L. monocytogenes* es encontrado en estos animales el serotipo 2a y en su minoría 4b. Los serotipos 2a y 4b son identificados en jabalíes, aunque de igual manera se han encontrado en cadáveres de alces y ciervos en Finlandia. Los tipos de secuencia ST7, ST8, ST18, ST37 y ST451 de los serotipos 2a y ST1 del serotipo 4b se encontraron en jabalíes en Finlandia que de esta manera ha sido encontrados igualmente en humanos con listeriosis³⁹

Fredriksson en el año 2020, menciona que el 48% de animales estudiados presentaron seropositividad ante esta enfermedad.³⁹

En adición, Hayashidani en 2002 menciona que *Listeria* spp. fue aislado en un 2% de los 131 verracos estudiados en Japón. Estos fueron identificados como serotipo *L. monocytogenes* 4b.⁴⁹

Sin embargo, *L. monocytogenes* es tolerante al frío y tiene la capacidad de crecer a temperaturas alrededor de los 0 °C, y por lo tanto, almacenando la carne de jabalí en un refrigerador puede presentar un riesgo para la salud pública.³⁹

Rickettsiosis

Las rickettsias son bacterias gramnegativas intracelulares obligadas y se pueden transmitir mediante vectores que infectan principalmente las células endoteliales de los huéspedes vertebrados.⁶¹

Actualmente, han sido asociados con enfermedades emergentes y reemergentes de humanos y animales.⁶¹

Los miembros del género *Rickettsia* son clasificados en cuatro grupos principalmente:

- Grupo de la fiebre maculosa (SFG)
- Grupo typhus

- Grupo de transición
- Grupo ancestral

Múltiples especies del SFG han sido descritas en México, las cuales incluyen las tres que son zoonóticas: *Rickettsia massiliae*, *Rickettsia parkeri* y *Rickettsia rickettsii* y dos de patógenos desconocidos.⁶¹

Se menciona que los cerdos salvajes están involucrados en la naturaleza y los ciclos de patógenos rickettsiales transmitidos por garrapatas, como lo son: *Anaplasma phagocytophilum*, incluyendo la garrapata de la Costa del Golfo (también llamada *A. maculatum*) y la garrapata del perro americano (también llamada *Dermacentor variabilis*), estos dos últimos vectores primarios de *Rickettsia parkeri* y *R. rickettsii*, los cuales son los dos agentes más importantes causantes de rickettsiosis en humanos en norte América.⁶¹

López en el año 2022, menciona haber encontrado *R. parkeri* en *A. maculatum* garrapata recogida de un jabalí cazado en la península de México. Agregado a esto el mismo autor encuentra por primera vez *R. amblyommatis* por primera vez en Campeche, México. En esta región, existen un total de 70 casos humanos de fiebre maculosa de las Montañas Rocosas, causada por *R. rickettsii*, que se reportaron entre 2015 y 2019.⁶¹

López además menciona, que su estudio proporciona evidencia de que los jabalíes podrían servir como huésped alternativo para dos especies de garrapatas *Amblyomma* y un posible vector de patógeno SFG.⁶¹

Colibacilosis

La aparición de la enfermedad de los edemas en las poblaciones de jabalí en Francia podría entonces estar relacionado con un aumento hipotético en la frecuencia de híbridos de jabalí/cerdo doméstico, lo que conduce a un aumento susceptibilidad a esta enfermedad.⁸⁷

Miller menciona, los cerdos ferales han sido identificados como contribuyente a la contaminación por *Escherichia coli* O157:H7 en las cuencas hidrográficas.¹⁰¹

3.- Enfermedades fúngicas

Candidiasis

Las infecciones fúngicas se consideran un problema de salud pública de importancia emergente, debido al aumento del número de infecciones humanas y de animales. En particular, levaduras de origen endógeno, por ejemplo: *Candida albicans*, *Candida krusei*, *Candida parapsilosis* o exógeno como: *Candida guilliermondii*, *Candida fermentati*, *Candida lusitanae* y *Pichia fermentans*, las cuales pueden provocar enfermedades cutáneas y sistémicas en humanos y animales.⁶⁴

El papel de los animales salvajes en la diseminación de patógenos zoonóticos, incluidos los hongos, así como su utilidad como bioindicadores de la calidad ambiental ha despertado el interés de la comunidad científica. Entre los animales salvajes, las aves han sido consideradas la principal fuente mundial de hongos patógenos que tienen un papel importante en la propagación de estos organismos a través de sus heces.⁶⁴

Por otra parte, *Candida* spp, *Cryptococcus* spp, *Trichosporon* spp. *Rhodotorula* spp, *Malassezia* spp, *Sporobolomyces* spp y *Saccharomyces* spp. son frecuentemente responsable de infecciones en animales y humanos, especialmente en individuos inmunocomprometidos.⁶⁴

En consecuencia, se identificó al jabalí como huésped de hongos filamentosos (es decir, *Aspergillus fumigatus* y *Penicillium verrucosum*), pero su papel en la propagación de levaduras patógenas no ha sido bien investigado.⁶⁴

Rhimi en 2021 menciona las especies de levaduras pertenecientes a los géneros *Candida*, *Geotrichum* y *Rhodotorula* se aislaron con la mayor diversidad de especies en muestras recolectadas. En el mismo estudio se señaló, *Candida albicans* fue la especie más frecuentemente aislada (45.7 %), seguida de *Candida krusei* (15.2 %), mientras que *C. lusitanae* fue la menos frecuente (1.1 %).⁶⁴

Sin embargo, la ausencia de signos de infecciones localizadas o sistémicas en la necropsia confirman que estos animales desempeñan un papel en la propagación de microorganismos patógenos en el medio ambiente. Se observó un cuadro similar en otros animales salvajes y domésticos (es decir, roedores, gatos), que a menudo son portadores asintomáticos de levaduras patógenas para los humanos.⁶⁴

Además, la edad de los animales podría ser un factor que afecta a la diversidad de especies de levadura, siendo menor en los animales jóvenes en comparación con los adultos. En el que la flora fúngica mostró la mayor variedad de especies de levaduras. Estos hallazgos podrían deberse a que la comunidad microbiana del animal adulto se forma gradualmente basado en factores de exposición a diferentes condiciones ecológicas y ambientales y la respuesta del sistema inmunológico. En este estudio, *Candida* spp. fue el género de levadura aislado más frecuente con un tamaño medio de población $\geq 10^4$ UFC/gramo de heces⁶⁴

Las cepas de *C. krusei* se caracterizaron en el estudio de Rhimi, por una alta tasa de mortalidad (de aproximadamente del 40-58%) y mala respuesta a los tratamientos estándar de terapias antifúngica. En adición, *C. slooffiae* nunca fue reportado como agente causante de infecciones graves en animales y humanos, pero se ha encontrado con frecuencia en diferentes partes del tracto gastrointestinal de cerdos aparentemente sanos y por lo tanto considerados como un habitante natural del ambiente intestinal porcino.⁶⁴

4.-Enfermedades parasitarias

Protozoarios

a) Babesiosis

Los parásitos protozoarios de los géneros *Babesia* y *Theileria* causan piroplasmosis. *Babesia* y *Theileria* spp. se puede transmitir a huéspedes vertebrados a través de la alimentación con sangre de garrapatas y tiene una amplia distribución mundial e infecta a una variedad de huéspedes. La infección puede afectar tanto al ganado como a los animales de compañía que muestran síntomas clínicos que incluyen fiebre intensa y anemia.⁷²

Algunos estudios mencionan, que la población de animales salvajes funciona como reservorios de enfermedades transmitidas por garrapatas. Los roedores salvajes actúan como reservorios de *B. microti*, que puede saltar la barrera de las especies hacia los humanos a través de la transmisión por garrapatas.⁷²

En Estados Unidos y México, el venado cola blanca (*Odocoileus virginianus*) desempeña un papel similar para *B. bovis* y *B. bigemina*, que son agentes causantes de la babesiosis bovina, lo que demuestra que los animales salvajes pueden actuar como reservorios de infección en el ganado.⁷²

El ciervo Sika es omnipresente en todo el archipiélago japonés, desde las regiones subárticas hasta las subtropicales, y se informó que portaba *Babesia* spp. genéticamente similar al protozoo zoonótico *Babesia divergens*.⁷²

En otro estudio, los hallazgos en cerdos infectados con *Babesia* incluyeron fiebre, aborto espontáneo y una alta tasa de mortalidad, aunque en el estudio de Morikawa en Japón menciona, que los animales estudiados estaban aparentemente sanos, por lo tanto, se considera que tiene baja patogenicidad en la naturaleza de los cerdos ferales.⁷²

Por lo tanto, es posible que, los signos se presenten durante la fase aguda y la enfermedad permanezca en el huésped con baja virulencia durante la fase crónica.⁷²

Cleveland en 2017 realizó un estudio en donde de los 47 animales, el 0% resultaron positivos por la prueba PCR a *Babesia* spp.²⁶ Morikawa, en 2021 menciona que en Japón este parásito fue altamente prevalente (>50 %) en tres ubicaciones del archipiélago japonés occidental, lo que demuestra una amplia distribución en el oeste y suroeste de Japón. Como se muestra en el cuadro realizado por Morikawa (Cuadro 16).⁷²

Región	Año	Núm. muestras	Positivas PCR	(%) Positivos
Kagoshima	2015	13	5	39
	2016	15	9	60
	2018	24	16	67
Yamaguchi	2013	27	12	44
	2014	46	28	61
	2015	43	27	63
Tsushima	2018	51	43	84
Total		219	140	63.9

Cuadro 16 Distribución de *Babesia* spp en Japón.

b) Microsporidiosis

Los microsporidios son un grupo de organismos intracelulares ubicuos y obligados. Patógenos, que causan una infección emergente en humanos y animales.¹¹³

Hasta la fecha, existen 220 géneros y 1700 especies de microsporidios. Las especies de *Enterocytozoon bienewisi* y *Encephalitozoon* (*Enc. hellem*, *Enc. intestinalis* y *Enc. cuniculi*) son las especies más importantes causantes de infecciones en humanos y animales en todo el

mundo. Aunque, *E. bienersi* es responsable de más del 90% de los casos en humanos y animales.¹¹³

Los microsporidios son patógenos formadores de esporas y sus esporas son el medio de transmisión a través de la cara y la orina de los huéspedes infectados, mientras que la contaminación del medio ambiente son las principales fuentes de infección.¹¹³

Numerosos estudios han reportado transmisión vertical de microsporidios de la madre.¹¹³

En personas inmunocompetentes, la microsporidiosis suele ser asintomática, aunque pueden provocar infecciones leves o autolimitadas; en aquellos con un sistema inmunitario debilitado (receptores de trasplantes de órganos, pacientes adultos mayores y aquellos con VIH/SIDA), la microsporidiosis puede causar signos generalizados y graves como enfermedades renales, sinusitis, diarrea persistente, encefalitis, ataxia e incluso puede causar la muerte si no se trata. Aunque no todos los géneros microsporidianos y las especies, son zoonóticas y sólo 17 especies de microsporidios han sido reportados en humanos¹¹³

Según la literatura publicada las infecciones por microsporidios han aumentado significativamente en especies huésped como: roedores, pájaros, peces, insectos, mascotas, animales salvajes y vivos.¹¹³

Se ha observado que los cerdos ferales pueden infectarse con esporas de microsporidios a una edad temprana, posteriormente, los animales excretan esporas a lo largo de su vida que pueden contaminar el medio ambiente. Los cerdos y los jabalíes podrían ser una fuente de microsporidiosis humana. La biología de los microsporidios en estos animales ha sido poco investigada.¹¹³

c) Toxoplasmosis

Toxoplasma gondii es un protozoo intracelular obligado,⁹³ patógeno que infecta a una amplia gama de huéspedes, lo que provoca fallas reproductivas en las hembras que contraen el parásito por la primera vez durante la gestación. Su implicación en el aborto en cerdas domésticas, sin embargo, es poco común en estos animales.¹⁰⁰

La mayoría de los aislamientos de *T. gondii* de América del Norte y Europa se ha clasificado en tres linajes clonales, denominados de los tipos I-III.⁹³

En los ratones, las cepas de tipo I se consideran virulentas y las de tipo II y III relativamente no virulento. Los diferentes estudios realizados en humanos y los animales domésticos en

Francia mostraron un gran predominio de un solo genotipo: tipo II. Poco se sabe sobre la distribución de los genotipos de *T. gondii* y sobre su prevalencia en las poblaciones de vida silvestre.⁹³

Richomme menciona haber encontrado únicamente genotipo tipo II de *T. gondii* en cerdos salvajes, pero excluye que existan los demás genotipos aunque este se encuentre más presente en estos animales como se muestra en el cuadro realizado por Richomme (Cuadro 18).⁹³

Animales	Núm. muestras	MAT. títulos				Positivos totales	Positivos		Prevalencia (%) ± 95%
		0	6	12	≥24		Jóvenes	Adultos	
Champagne-Ardenne	104	55	8	20	21	21	11/49	7/38	20.1±8.7
Corsica	44	25	6	8	5	5	1/6	4/38	13.1±13.8
France (Overall)	148	80	14	28	26	26	12/55	11/76	17.6±6.1

Cuadro 17 Positividad en jóvenes y adultos y su prevalencia.

En Europa y EUA los jabalíes generalmente tienen una alta seroprevalencia de *T. gondii* en comparación con otras especies. Pues el consumo de jabalí ha causado brotes de toxoplasmosis en humanos. En EUA la seroprevalencia de toxoplasma en jabalí es del 13 % en California y el 49 % en Carolina del Sur y en Saskatchewan, Canadá, tienen una seroprevalencia de *T. gondii* del 6.8%.⁶⁴

Las muestras para esta enfermedad deberían ser según el estudio de Frediksson:

- Cerebro 31%
- Corazón 28%
- Musculo masetero 24%

Cleveland en 2017 realizó un estudio en donde de los 47 animales, donde el 10.6% resultaron positivos por la prueba MAT *Toxoplasma gondii*²⁶

Frediksson en 2020, menciona que el 9% de 181 animales que estudió resultaron positivos a las pruebas serológicas que realizó; sumado a esto resultó que existe 5.3% mayor probabilidad de portar anticuerpos contra esta enfermedad en cerdos jóvenes que en adultos.³⁹

En adición, el consumo de carne de jabalí poco cocinada es un riesgo de contraer toxoplasma humano. En contraparte, *T. gondii* es sensible a la congelación, por lo que la carne de cerdo feral congelada puede llegar a consumirse. Jones y Dubey en 2012 recomiendan que se debe de cocinar a 71 °C o más con un reposo de 3 min antes del consumo.³⁹

d) Blastocistosis

El protozooario no flagelado, *Blastocystis* sp. (*Blastocystae*, *Heterokonta*), es un parásito intestinal comúnmente encontrado en humanos y un amplio espectro de huéspedes animales.⁶

Es conocido como el microorganismo eucarionte más frecuente en muestras de heces humanas, con una prevalencia variable de entre el 30% en los países industrializados y hasta el 76% en los países en desarrollo.⁶

La vía de transmisión es vía feco-oral, así es como se forman los quistes que son resistentes en alimentos y agua contaminados por este parásito.⁶

Blastocystis sp. es el protista encontrado más frecuentemente colonizando e infectando el tracto intestinal de humanos. Ya que la colonización asintomática es muy común y la patogenicidad no ha sido demostrada in vivo, la importancia clínica de *Blastocystis* sp. sigue siendo investigada.⁹⁶

En adición, se puede detectar en personas sanas sin síntomas gastrointestinales, también puede encontrarse en individuos sintomáticos como: urticaria, trastornos de la piel, artritis reactiva, síndrome del intestino irritable (IBS) y así como aquellos con estado inmunocomprometido.⁶

En cuanto a las infecciones humanas, se podrían considerar 10 subtipos (ST1-ST9 y ST12), entre los cuales ST1-ST4 tienen una prevalencia significativa con el predominio de ST3. Según se informa, ST1-ST8 y ST12 han mostrado subpotencial zoonótico sustancial, que circula entre humanos y animales como mamíferos, primates no humanos y aves, mientras que ST9 es exclusivamente restringida a casos humano. Los subtipos restantes (ST10, ST11, ST13-ST28) solo se han aislado de animales, sin evidencia de infecciones humanas.⁶

Se han realizado numerosas investigaciones considerables para lograr dilucidar la prevalencia y distribución de los subtipos de *Blastocystis* sp. en cerdos domésticos y salvajes ya que forman parte sustancial en la transmisión de la enfermedad.⁶

Ashgari, comparó al cerdo doméstico y cerdo feral, encontrando menos subtipos en estos últimos (ST1, ST3-ST5, ST8 y ST15). Además, recopiló información de la prevalencia en diversos países ante la enfermedad y el método diagnóstico de diversos autores. Existe mayor porcentaje en Brasil. Como se puede observar en el cuadro realizado por Ashgari (Cuadro 24).⁶

Autor, año	Duración del estudio	País	Núm. muestras	Muestras infectadas	Prevalencia (%)	Método diagnóstico
Mohammadi, 2004	2000–2001	Irán	12	3	25	Microscopia
Yaghoobi, 2016	2013	Irán	25	11	44	Microscopia
Betts, 2018	2016–2017	Reino Unido	2	1	50	Molecular
Valenca-Barbosa, 2019	Desconocido	Brasil	39	30	77	Molecular
Russini, 2020	Desconocido	Italia	42	26	61.9	Molecular
Rivero-Juarez, 2020b	2015–2016	España	142	1	0.7	Molecular
Lee, 2020	2016–2018	Corea del Sur	433	45	10.4	Molecular
Betts, 2020	2016–2019	Reino Unido	4	2	50	Molecular

Cuadro 18 Prevalencia de *Blastocystis* spp en diferentes países.

e) Otros protozoos

Los protozoos intestinales *Giardia duodenalis* y *Cryptosporidium* spp son los principales contribuyentes de enfermedades diarreicas en humanos y animales.⁹⁶

De hecho, un estudio reciente sugiere que *G. duodenalis* puede reducir la colitis por *Escherichia coli* a través de la expresión y secreción de péptidos antimicrobianos por células epiteliales intestinales del huésped a través de la liberación de parásitos cisteína proteasa tipo catepsina B que inhibe directamente en el crecimiento de las bacterias.⁹⁶

Rivero, en 2020 identificó dos especies de *Cryptosporidium*. Los cerdos ibéricos negros estaban infectados por *C. scrofarum*, mientras que los jabalíes albergaban tanto *C. scrofarum* como *C. suis*.⁹⁶

El ciliado *Neobalantidium coli* es un parásito ubicuo que se encuentra comúnmente en los cerdos domésticos y salvajes. El parásito se transmite por vía fecal-oral a través del agua contaminada con quistes. Los humanos con contacto directo con cerdos o sus excrementos pueden ser huéspedes accidentados.⁹⁶

Rivero, realizó un estudio donde se observa la prevalencia de diversos enteroparásitos en cerdos ibéricos y cerdos ferales. Como se muestra en el cuadro realizado por Rivero (Cuadro 19).⁹⁶

Especies y subtipos	Población total n=328 (n%)	Cerdos ibéricos negros (n=186) (n%)	Cerdos ferales (n=142) (n%)	P
<i>Giardia duodenalis</i>	64 (19.5)	32 (17.2)	32 (22.5)	0.261
<i>Cryptosporidium</i> spp.	27 (8.2)	18 (9.7)	9 (6.3)	0.351
<i>C. scrofarum</i>	26 (96.2)	18 (100)	8 (88.8)	0.216
<i>C. suis</i>	1 (3.8)	0 (0)	1 (11.2)	
<i>Blastocystis</i> sp.	137 (41.8)	136 (73.1)	1 (0.7)	<0.001
ST1	7 (5.1)	7 (5.1)	0 (0)	0.99
ST3	20 (14.7)	20 (14.7)	0 (0)	
ST5	110 (80.2)	109 (80.1)	1 (100)	
<i>Neobalantidium coli</i>	103 (31.4)	87 (52.7)	16 (11.7)	<0.001
<i>Strongyloides</i> spp	29 (8.8)	22 (11.8)	7 (4.9)	0.032

Cuadro 19 Prevalencia de protozoos en diferentes poblaciones de cerdos.

Nematodos

a) *Metastrongylus* y *Estrongylosis*

Cleveland en 2017, confirmó la presencia de helmintos como *Metastrongylus* y *S. dentatus* en lesiones y muestras de pulmón.²⁶

Metastrongylus, son gusanos nematodos, que parasitan los bronquios y bronquiolos. Requieren un hospedador intermedio: la lombriz de tierra para completar el ciclo de vida. Son raros en cerdos domésticos en producciones intensivas.⁶⁴

La transmisión de *Metastrongylus* sp al cerdo doméstico por parte de los cerdos ferales es poco probable, por la baja prevalencia en jabalíes y en el alojamiento de los cerdos domésticos.⁶⁴

Di Nicola, 2015 menciona la presencia de bronconeumonía parasitaria por *Mestastrogylus* spp en 92 cerdos ferales de 101 animales; afectando la parte caudodorsal de los lóbulos diafragmáticos. En el corte se confirmó su presencia y en la microscopia se observaron cuerpos parasitarios.³⁴

Los metastrongilidos están muy extendidos en los jabalíes europeos según Peterson, con prevalencias de 28.8–60.0%.⁸⁶ En cambio, De la Rosa, menciona que, en Valencia, España obtuvo un 85% de 47 muestras positivas a *Metastrongylus* spp.³⁰

De la Muela en el año 2001 menciona que las infecciones por helmintos en España, en especial ascaropsosis y metastrongilosis se tiene una prevalencia de 85% en los jabalíes.³³

Järvis en el 2007, menciona que en su investigación encontraron a 91 animales de 100 que albergan helmintos, 5 albergando nematodos, 1 cestodo y 1 trematodo. Estos animales estaban infectados ya sea por uno o cinco especies de helmintos, y observando animales con una carga de hasta 372 parásitos; además bronquiolos con hipersecreción y secreción mucosa estomacal observado en animales con *Metastrongylus* spp.⁵³

Järvis menciona en su estudio la prevalencia de este parásito y sus especies. *Metastrongylus pudendotectus* resultó con mayor porcentaje. Como se observa en el cuadro realizado por Järvis (Cuadro 20).⁵³

Especies helmintos	Prevalencia (%)	MI±S.E.M.	Rango	S.D.
<i>Metastrongylus</i> Totales	82	96.2 ± 9.3	6–359	84.2
<i>Metastrongylus pudendotectus</i>	78	58.5 ± 7.9	1–333	70.0
<i>Metastrongylus elongatus</i>	41	4.6 ± 0.6	1–18	4.2
<i>Metastrongylus salmi</i>	77	40.8 ± 4.5	2–211	39.0

Cuadro 20 Prevalencia de nematodos.

b) Triquinosis

Trichinella spp, son nematodos zoonóticos que se enquistan en el músculo y se diseminan por la ingestión de carne cruda e infectada. ⁶⁴ *Trichinella spiralis* es quizás el nematodo más conocido de los cerdos. Actualmente hay ocho especies de *Trichinella* basadas en la presencia o ausencia de una cápsula, infectividad en ratones y cerdos, infectividad para pájaros y reptiles; resistencia a la congelación y características moleculares. ⁶⁵

La transmisión entre los animales es por depredación, canibalismo, carroñeo o por alimentación intencional de carne cruda o poco cocida. ⁶⁵

En 1993 hubo un brote de *Trichinella* que afectó a 24 personas en Ontario tras el consumo de jabalí de granja infectados de 2 granjas cercanas en Dufferin, Ontario. ⁶⁴

A nivel mundial, de los 8 actualmente reconocidos *Trichinella* spp., *T. spiralis* es la causa más común en humanos. Los cerdos son las fuentes más comunes de *T. spiralis*. ⁶⁴ *Trichinella papuae* y *Trichinella zimbabwensis* son infecciosas que afectan a los reptiles y mamíferos. ⁶⁵

Actualmente hay ocho especies de *Trichinella* basadas en la presencia o ausencia de una cápsula; además de infectividad en ratones, cerdos, aves y reptiles, resistencia a la congelación y características moleculares. Como se muestra en el cuadro realizado por Meng (Cuadro 21). ⁶⁵

Nombre (genotipo)	Capsula en el músculo	Resistencia al congelamiento	Cerdos ferales
<i>T. spiralis</i> (T1)	Si	No	Si
<i>T. nativa</i> (T2)	Si	Si (fuerte)	Si
<i>T. britovi</i> (T3)	Si	Si (moderado)	Si
<i>T. Pseudospiralis</i> (T4)	No	No	Si
<i>T. murrelli</i> (T5)	Si	No	Si
<i>T. nelsoni</i> (T7)	Si	No	Si
<i>T. papuae</i> (T10)	No	No	Si
<i>T. zimbabwensis</i> (T11)	No	No	Si

Cuadro 21 Características moleculares de *Trichinella* spp.

Fredriksson menciona que se requieren pruebas para *Trichinella* para todos los jabalíes al entrar en el comercio en Europa, puesto que la legislación así lo menciona en específico el Reglamento (CE) nº 853/2004, donde señala que la congelación no se recomienda ya que *T. native* y *T. britovi* resisten a esta.³⁹ Oksanen en el 2018, relata que estas dos especies son las más frecuentes que se han identificado en la vida silvestre en Finlandia.

Noeckler en el 2019 añade que la cocción deberá ser a temperatura entre los 63 °C y 71 °C durante 3 min ya que inactiva a las larvas de *Trichinella* en la carne.

En una encuesta de España, el 75 por ciento de los 49 brotes de *Trichinella* surgió de la ingestión de carne de jabalí.⁶⁵

Cleveland en 2017 realizó un estudio donde 47 animales, ninguno resultó positivo por la prueba ELISA.²⁶ Por su parte, Fredriksson en el año 2020, menciona que sólo el 1% de los animales que muestreo resultaron seropositivos ante esta enfermedad.³⁹

Borza en 2012 menciona, los factores que intervienen en los brotes pueden estar relacionados con la crianza inadecuada de "traspatio" en regiones rurales y la falta de realización de los exámenes de inspección ante mortem y pos mortem, campañas de caza recreativa y furtiva en animales silvestres como los cerdos ferales.¹⁴

Gómez en 2014, menciona que la especie más prevalente es *Trichinella britovi*, que infectan a mamíferos como zorro rojo, lobo y mustélidos.⁴³

Turiac en Italia, señala que de 1985 a 2016, *Trichinella* spp fue detectada en 354 animales (tanto domésticos como salvajes); siendo el 97.5% *Trichinella britovi*, 2.2% *Trichinella pseudospiralis*, y 0.3% *Trichinella spiralis* en el Laboratorio de referencia de la Unión Europea para parásitos.¹¹⁶

De la Rosa en el 2021 indica que, la digestión artificial de la carne es una técnica diagnóstica para la presencia de nematodos tisulares. Por ejemplo, para *Trichinella spiralis*, existen técnicas diagnósticas indirectas como los ensayos inmunoabsorbentes ligados a enzimas (ELISA) y Western blot que son valiosos para la identificación de la presencia de anticuerpos en las poblaciones.³⁰

En consecuencia, De la Rosa menciona, que los cerdos ferales pueden alimentarse de otros animales o de sus cadáveres, favoreciendo el ciclo de vida de *Trichinella*. Por lo que, los

sistemas de producción de vida silvestre pueden generar ciclos sinantrópicos, donde el contacto entre animales domésticos y salvajes puede promover la transmisión de patógenos³⁰

Existe mayor prevalencia en el estado de Puebla, México según el estudio De la Rosa. Como se observa en el cuadro realizado por el mismo autor (Cuadro 22).³⁰

Lugar	Sexo	Núm..	%	<i>p</i>	Límite de confianza
Puebla	Hembra	20	0	0.103	0–1.7
	Macho	10	20		
Tlaxcala	Hembra	18	11.1	0.352	0–5.2
	Macho	12	0		
Hidalgo	Hembra	23	0	0.233	0–5.8
	Macho	7	1.4		

Cuadro 22 Prevalencia en México de *Trichinella*.

30

Gamito en el 2009, con su estudio revela las lesiones histopatológicas que llegan a tener los cerdos ferales como se observan en la tabla: ⁴⁰

- ❖ En el hígado se observó un proceso inflamatorio
- ❖ En el pulmón se observaron lesiones hemorrágicas
- ❖ La glomerulonefritis serosa y la congestión leve son las lesiones en el riñón; estas lesiones se deben a una acumulación de complejos inmunes en etapas posteriores.
- ❖ Enteritis catarral con linfocitos en la lámina propia y alteraciones en las criptas; además úlceras diminutas, hiperemia y hemorragias con edemas.
- ❖ En los órganos linfoides, un aumento de la pulpa blanca e incluso hiperplasia del folículo linfático

40

Como se observa en el cuadro realizado por Gamito (Cuadro 23).

Órgano	Infección aguda	Infección crónica
Hígado	Infiltrado inflamatorio periportal constituido por linfocitos y células plasmáticas. Además, de degeneración vacuolar de los hepatocitos.	Ligera reacción intersticial no supurativa por Degeneración vacuolar.

Pulmón	Neumonía intersticial con acumulación de linfocitos cerca de los bronquios y bronquiolos.	Neumonía intersticial moderada con compensación alveolar, además de enfisema y congestión. Los bronquios tienen señales inflamatorias y supurativas.
Riñón	Ligera congestión y glomerulonefritis serosa.	Nefritis intersticial con cambios del espacio de Bowman en el que hay restos acelulares y líquido (indicativo de una leve lesión glomerular). Además de señales de nefritis tubular.
Intestino	Enteritis catarral con linfocitos en lámina propia. Criptas con alteraciones y aumento de células caliciformes.	Enteritis catarral crónica con células inflamatorias en la lámina propia e hiperplasia de las placas de Peyer.
Linfonodo	Reacción y agotamiento en grupos con dosis menos infectivas.	Ligera reacción.
Bazo	En pequeñas dosis infectivas: aumento de pulpa blanca. Dosis infectivas altas: hiperplasia de folículos linfáticos.	Ligera reacción con presencia de hemosiderina.
Corazón	<i>T. spiralis</i> : Degeneración de Focal Zenker con pérdida de estrías y citoplasma homogéneo. <i>T. britovi</i> : Ligera reacción intersticial con destrucción focal de las fibras.	Congestión y presencia de células inflamatorias principalmente células plasmáticas. Algunas hemorragias leves.
Musculo esquelético	<i>T. spiralis</i> : Larvas con inflamación y reacciones con presencia de linfocitos y células plasmáticas. <i>T. britovi</i> : Leve o moderada inflamación Además de calcificaciones.	<i>T. spiralis</i> : Infección masiva de larvas con reacción intersticial moderada conformada por linfocitos y células plasmáticas.

T. britovi: Pocas larvas con reacción inflamatoria leve .

Cuadro 23 Características anatomopatológicas de *Trichinella* spp.

La infección prolongada provoca lesiones, observadas macroscópicamente. Se observa un moteado blanquecino; este moteado es atribuible a la calcificación de las larvas. Como se observan las imágenes de Gamito (Figura 5).⁴⁰

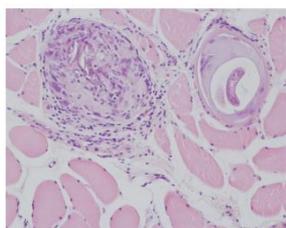
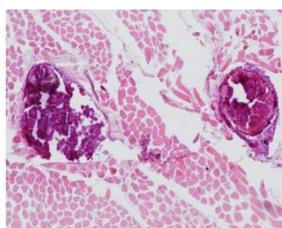


Figura 5 Músculo de cerdo feral con larva y reacción inflamatoria. Larva calcificada.



Por otra parte, Santos, menciona la diferencia de sensibilidad de las pruebas diagnósticas como la triquineloscopia, la cual es menos sensible que el método de digestión artificial; además añade, que el número de larvas encontradas en los animales utilizados en este estudio: 125, tienen una relación directa con la dosis infectiva para las especies: *T. spiralis* muestra una capacidad infectiva superior en comparación a *T. britovi*.⁴⁰

A continuación, podemos indicar que la reacción alrededor del quiste se puede percibir en los cerdos ferales infectados con *T. britovi*, observándose tendencias a que la respuesta celular disminuya ligeramente; lo que podría indicar que el organismo permite coexistir con las larvas, por lo que *T. spiralis* se adapta mejor a este anfitrión.⁴⁰

Järvis en su estudio del 2001, menciona que siete jabalíes de 695 (1.0%) estaban infectados con *Trichinella*. Investigando dos especies: *T. nativa* y *T. britovi*.⁵³

Es importante lo que mencionó Turiac, Un cazador de 36 años fue ingresado en la “Casa Sollievo Hospital della Sofferenza, Italia en 2016, diciendo tener fiebre (temperatura 40-41 °C), mialgia, tumefacción facial y periorbitaria, diarrea, vómitos, dolor abdominal y sudoración nocturna.¹¹⁶ Estos síntomas se desarrollaron 20 días antes de la hospitalización. El paciente

informó que su esposa y su hijo tenían síntomas similares después de haber consumido carne de cerdo feral.¹¹⁶

c) Ascariosis

Este parásito es importante debido a las pérdidas económicas causadas por los decomisos hepáticos y la necesidad de tratamiento antihelmíntico.⁸⁶

Los huevos longevos de *A. suum* son un gran desafío para la producción de cerdos al aire libre e incluso en un programa de rotación de pastos de 2 a 3 años puede ser insuficiente para evitar la infección, ya que los huevos permanecen infecciosos hasta por 7 años. Los huevos de *A. suum* solo eclosionan a temperatura >14.5 °C, igualando la temporada final de primavera y verano en el norte de Europa. Con un período prepatente de 6 a 8 semanas, con un pico en la presencia de huevos que puede ocurrir durante otoño e invierno.⁸⁶

La principal precaución es evitar el contacto con materia fecal, ya que *A. suum* es transmitida a través de la ingesta oral de huevos eclosionados, que puede adherirse a los cadáveres.⁸⁶

Di Nicola en el año 2015 menciona que algunos cerdos ferales presentaron máculas blanquecinas, debido a la migración de *Ascaris suum* añadido a esto se encontraron folículos linfoides ectópicos.

Huus, en el año 2020 menciona que de los 255 animales se identificaron huevos/ooquistes de parásitos del 0.4 al 92.3 % de los jabalíes. La prevalencia de *A. suum* resultó en 10.4%.⁸⁶

De la Rosa, menciona que realizó un estudio en los estados de Hidalgo, Puebla y Tlaxcala, donde la infección natural por este parásito en los cerdos ferales muestreados sirvió para la obtención de parásitos adultos de *Ascaris suum*, como se puede observar en la tabla siguiente realizada por De la Rosa (Cuadro 24).³⁰

Lugar	Sexo	Núm..	%	<i>p</i>	Límite de confianza
Puebla	Hembra	20	30	0.608	0.1–3.5
	Macho	10	40		
Tlaxcala	Hembra	18	22.2	0.293	0.1–2.1
	Macho	12	41.7		
Hidalgo	Hembra	23	26.1	0.169	0.04–1.7
	Macho	7	5.7		

Cuadro 24 Prevalencia de *Ascaris suum* en México.

Algunos de los helmintos comunes son transmitidos por huéspedes intermedios como lombrices de tierra y escarabajos coprófagos, únicamente *A. suum* tiene un ciclo de vida directo.³³

A. suum y *T. suis* contamina cultivos con sus huevos de estos parásitos. Los huevos de estos se encuentran a menudo en los fertilizantes orgánicos, y son caracterizados por una muy alta viabilidad y resistencia a factores ambientales. Además, Nosal menciona, los huevos también se pueden estar presentes en las aguas superficiales, lo que debería causar preocupación, especialmente debido al potencial zoonótico del gusano⁸⁰

Järvis, menciona en su estudio con 100 muestras de animales, observó manchas de leche relacionadas a 4 casos por la migración de las larvas de este parásito en el hígado.⁵³

Petersen menciona, la prevalencia de *A. suum* (10.4%), mientras que en el norte de Irán (4.8%) y Estonia (9 %), estudios de Turquía mencionaban que en Irán occidental, *Ascaris* spp. estaban ausente⁸⁶

d) Tricurosis

T. suis es un nematodo común en cerdos, aunque su prevalencia está disminuyendo a medida que se crían más cerdos concentrados en instalaciones de confinamiento bajo techo. Este parásito tiene una acción directa ciclo de vida y los huevos son muy resistentes por lo que la transmisión de este parásito del jabalí al cerdo doméstico es posible si hay contaminación fecal de los piensos.⁶⁴

Petersen menciona en 2020, en su estudio con 254 muestras, 22 de ellas resultaron positivas a este parásito, resultando el 8.7%.⁶⁴

d) Capilariasis

Petersen, en el año 2020 menciona que de los 255 animales se identificaron huevos/ooquistes de parásitos del 0.4 al 92.3 % de los jabalíes.⁸⁶

McGregor menciona en 2020, con 254 muestras, 28 de ellas resultaron positivas a este parásito, resultando el 11.1%.⁶⁴

e) Eimeriosis

Petersen, menciona que *Eimeria* spp. fueron los más identificados parásitos en las 255 muestras fecales que analizó.⁸⁶

Huus, en el año 2020 menciona que de los 255 animales se identificaron huevos/ooquistes de parásitos del 0.4 al 92.3 % de los jabalíes⁸⁶

f) Toxocariosis

Estos animales son considerados como huésped paraténico y accidental de *Toxocara*, además De la Rosa menciona que en Tlaxcala, Puebla e Hidalgo los animales estudiados se obtuvieron parásitos adultos de *Toxocara canis* con porcentajes de hasta el 20%. Como se muestra en el cuadro realizado por el mismo autor (Cuadro 25).³⁰

Lugar	Sexo	Núm..	%	<i>p</i>	Límite de confianza
Puebla	Hembra	20	20	0.558	0.2–61.5
	Macho	10	10		
Tlaxcala	Hembra	18	16.7	0.986	0.1–9.7
	Macho	12	16.7		
Hidalgo	Hembra	23	8.7	0.0001	0.001–0.2
	Macho	7	8.6		

Cuadro 25 Prevalencia de *Ascaris suum* en México.

g) Oesofagostomosis

Nosal menciona, que los huevos y larvas de *Oesophagostomum* spp son menos resistentes a la descomposición ambiental. Es por lo que en el estudio que presentó el mismo autor, se observó una baja prevalencia de esta infección en los animales.⁸⁰

De la Rosa menciona que su estudio resultó un rancho de Hidalgo, *Oesophagostomum* más frecuente en hembras que en los machos, aunque en los demás lugares que se realizó el estudio (Puebla y Tlaxcala), no se encontró asociación alguna. Como se muestra el cuadro realizado por De la Rosa (Cuadro 26).³⁰

Lugar	Sexo	Núm..	Positivos %	Sexos positivos	
Puebla	Hembra	13	53.3	Hembra	Macho
	Macho	7			
Tlaxcala	Hembra	7		25	21
	Macho	7			
Hidalgo	Hembra	5			

	Macho	7			
--	-------	---	--	--	--

Cuadro 26 Prevalencia de *Ascaris suum* en México.

h) Otros nematodos

De Mera en 2003, menciona otros nematodos encontrados en la zona centro sur de España que son de gran importancia, añadido a esto se logra deslumbrar el punto clave de este estudio con el fin de observar que nuevos parásitos podrían ser introducidos a zonas con escasos o nulos casos de infección de estos y bien podrían ser introducidos en las pjaras. Entre estos parásitos mencionados en este estudio se mencionan: *Globocephalus urosubulatus*, *Ascarops strongylina*, *Physocephalus sexalatus*, *Simondsia paradoxa*, *Gongylonema pulchrum*, *Macracanthorhynchus hirundinaceus*.³⁷ Otros nematodos importantes que menciona Nosal son: *G. urosubulatus*, *A. strongylida* y *P. sexalatus* quienes resultaron en los cerdos salvajes de los bosques. Pues, los bosques tienen mejores condiciones para los escarabajos coprófagos, que son los huéspedes intermedios de *Spirurida*, mientras que los insectos en las tierras cultivables probablemente se reducen en número por los insecticidas utilizados para proteger las plantas.⁸⁰ Además, la fauna parasitaria de jabalíes puede también cambiar dependiendo de las alteraciones en el medio ambiente condiciones.⁸⁰

Uni en 2001, menciona que *O. gutturosa*, *O. suzukii*, *O. dewittei* los encontró en Japón en cerdos salvajes.

Platelmintos

a) Equinococosis quística

La hidatidosis o comúnmente llamada equinococosis, es endémica en el Mediterráneo y representa un importante problema de salud pública en Italia. La hidatidosis del jabalí se considera bastante frecuente.³⁴

En el año 2015, el autor Di Nicola menciona la presencia de *Echinococcus granulosus*, ya que el 12% de los animales que estudió presentaron consolidaciones en las porciones craneoventrales de ambos pulmones, añadido a esto de manera microscópica se presentó atelectasia pulmonar causada por una bronconeumonía granulomatosa u eosinofílica y asimismo se encontró quiste hidatídico en solo 4 cerdos ferales.³⁴

b) Taeniasis

De la Rosa menciona, que *Taenia crassiceps*, se encontró en el fluido vesicular recuperado del metacestodo de las muestras obtenidas.³⁰

En consecuencia, el mismo autor mencionó otros estudios como es uno de Valencia, España con 47 muestras que delatan el 19% de positividad a *Taenia hydatigena*.³⁰

Se encontró un porcentaje en México de hasta 8.7%. Como se muestra el cuadro realizado por De la Rosa (Cuadro 27).³⁰

Lugar	Sexo		Núm..	%	<i>p</i>	Límite de confianza
Puebla	Hembra					
	Macho					
Tlaxcala	Hembra					
	Macho					
Hidalgo	Hembra		2	8.7	0.3231	0–3.7
	Macho		0	8.6		

Cuadro 27 Prevalencia de *Ascaris suum* en México.

Järvis menciona, haber encontrado el tamaño de las larvas de *Taenia hydatigena*–*Cysticercus tenuicollis* de 0.2 a 7.0 cm de diámetro.⁵³

Trematodos

a) Dicrocoeliosis

Es una trematodo que Di Nicola menciona en el año 2015 que fue detectado en 3 animales gracias a las lesiones que presentaron y lo que se asume es que el cerdo feral forma parte de la epidemiología de esta enfermedad.³⁴

b) Alarisis

Alaria alata, *A. alata* (*Diplostomidae*, *Trematoda*)

Es la única especie conocida del género *Alaria* en Europa y tiene un ciclo de vida complejo de tres huéspedes. Él trematodos adultos viven en el intestino de los huéspedes definitivos, entre los que se documentado son: el zorro rojo (*Vulpes vulpes*), el lobo (*Canis lupus*), el perro mapache (*Nyctereutes procyonides*) y el perro (*Canis lupus familiaris*), e investigaciones han señalado que distintas especies de las familias *Felidae* y *Mustelidae* también pueden tener un papel como el huésped definitivo. El ciclo de vida de *A. alata* incluye caracoles de agua dulce y anfibios como primer y segundo hospedador intermediario, respectivamente. En ranas y otros anfibios, las furcocercarias se convierten en mesocercarias que representan una forma infectiva para

huéspedes definitivos y paraténicos. La etapa de mesocercaria permite que el parásito sobreviva a varias transiciones de hospedador ileso y sin perder su infectividad hacia el hospedador definitivo; los seres humanos también pueden infectarse con mesocercarias de *Alaria* spp y fungen como el huésped paraténico.⁴²

Por otra parte, la alariosis humana se manifiesta con diversos signos clínicos dependiendo de la localización de las larvas. En algunos casos infecciosos, se encontraron debajo de la piel, en el ojo y en el tracto respiratorio de los humanos.⁴²

Gavrilović en el año 2019 menciona gracias a su estudio, con 272 muestras que encontró mesocercarias de *A. alata* en seis (3%) de las muestras de cerdos ferales y en dos (2.77%) de las muestras de cerdos domésticos.⁴²

La alariosis está muy extendida en carnívoros salvajes y huéspedes definitivos en Serbia con una prevalencia del 49.41% en zorros rojos y del 30% en chacales dorados. Por otra parte, la prevalencia en otros países, como Austria 6.7 %, la República Checa 6.8 %, Letonia 7 % y Hungría 1.6 %, mientras que 30.5-40% en Lituania.⁴²

Hay que destacar que, la Oficina Federal Suiza para el Medio Ambiente, clasificó a *A. alata* como un parásito zoonótico en 2003 y sin embargo otros países aun no lo hacen.⁴²

La mesocercaria en tejidos de cerdos salvajes no forma un quiste duro, puede moverse libremente a través de diferentes tejidos, activando así el sistema inmunológico del huésped. Las mesocercarias se localizan principalmente en el conectivo tejido fibroso del perimio. Sin embargo, prefiere músculo y tejido conjuntivo intramuscular, cartílago, tejido adiposo y glandular.⁸²

Ozolina, demostró que las mesocercarias en jabalíes se distribuyen principalmente en el epiplón menor, laringe, peritoneo (100%) y diafragma (97.1%). Además, *A. alata* prefiere la concentración en el tejido muscular que contienen altas cantidades de tejido adiposo y conectivo y/o tejido glandular.⁸²

Alaria se vuelve más frecuente en especial *A. alata* prevalece en cerdos ferales y puede variar del 1.6 % al 11.5 % en Europa Occidental. Específicamente, 1.6 % en Hungría, 6% en Austria, 10.3% en Serbia, 11.5% en Alemania y 44.3% en el noreste de Polonia.⁸²

Según Ozolina, *A. alata* tuvo una prevalencia de 43.9%, la probabilidad de que los humanos adquieran la infección por *A. alata* a través del consumo de carne de cerdos ferales varió del 0.2% al 2.2%. Como lo muestra el cuadro realizado por Ozolina (Cuadro 28).

Probabilidad de ingestión de carne de jabalí infectada con *A. alata* viable mesocercarias.

Probabilidad de no consumir carne de cerdos ferales infectado	Probabilidad de consumir mesocercarias inactivadas	Probabilidad de consumir mesocercarias activas
99%	5.0%	2.2%
99%	1.0%	0.4%
99%	0.5%	0.2%
95%	5.0%	2.1%
95%	1.0%	0.4%
95%	0.5%	0.2%
80%	5.0%	1.8%
80%	1.0%	0.4%
80%	0.5%	0.2%

Cuadro 28 Probabilidad de infección por mesocercaria por consumo de carne de cerdo feral.

Se menciona, un estudio previo en Francia mostró la prevalencia de *A. alata* correlacionándose con la elevación y disminución del territorio, con el aumento de la elevación, de 4.1% por debajo 126 m al 0.02 % por encima de los 317 m.⁸²

c) Fascioliasis

La fasciolosis es una enfermedad humana emergente o reemergente en muchas partes del mundo. Esta enfermedad parasitaria presenta diferentes características epidemiológicas, patológicas y de control dependiendo de los agentes causales, ya sea *Fasciola hepatica* o *F. gigantica*. Se ha dicho que *F. hepatica* es encontrada en todo el mundo.⁶⁷

Las dos especies principales dentro del género tienen una epidemia diferente. siendo *F. hepatica* distribuida en todo el mundo y *F. gigantica* confinada algunas zonas de África y Asia¹⁰⁹

F. hepatica puede estar presente en mamíferos domésticos y salvajes que actúan como huéspedes definitivos, aunque la susceptibilidad y la patología pueden variar según la especie. Los mamíferos salvajes también pueden contraer la enfermedad y algunos son huéspedes reservorios, por ejemplo, especies de *Cervidae*, *Marsupialia* y *Lagomorpha*⁶⁷

Además se notificaron de varios casos de adultos de *F. hepatica* en animales salvajes de diferentes países europeos, como: el ciervo rojo (*Cervus elaphus*) de Escocia, corzo (*Capreolus capreolus*) de España, barbecho ciervo (*Dama dama*) de Italia, alces (*Alces*

alces), nutrias (*Lutra lutra*) y castores europeos (*Castor fibra*) de Bielorrusia, conejos europeos (*Oryctolagus cuniculus*) de Francia, liebres (*Lepus europaeus*) de los Países Bajos, nutria (*Myocastor coypus*) de Francia y cerdos ferales (*Sus scrofa*) de España.¹⁰⁹ Por lo que Mezo, en el 2013 menciona un primer informe de la importancia de los cerdos salvajes en esta enfermedad en Galicia, ya que con anterioridad a este estudio no existía alguno que contemplara al cerdo salvaje como participante en el ciclo de vida de este parásito. El mismo autor, estudió hígados de 358 animales en conjunto de muestras de heces donde, observó que el 11.2% de los animales fueron infectados por este parásito.⁶⁷

Los adultos de *F. hepatica* son localizado en los conductos biliares de los herbívoros principales huéspedes definitivos. Los humanos pueden infectarse a través de la ingestión accidental de agua y plantas contaminadas.¹⁰⁹

Los huevos no eclosionados pasan a las heces del huésped definitivo, semieclonados en agua dulce y liberan miracidios que invaden los caracoles (por ejemplo el huésped intermedio de la familia *Lymnaeidae*) convirtiéndose en cercarias que son liberadas en el agua dulce. Sobre la vegetación de las marismas, las cercarias se convierten en metacercarias infecciosas, que pueden ser ingeridas por animales a través de vegetales crudos y agua contaminada. Especialmente en áreas de pastoreo.¹⁰⁹

Varios autores informaron que algunas especies de cerdos, tienen una resistencia natural considerable a la fasciolosis.⁶⁷

Mezo, menciona que la contribución de su estudio puede deducir que los cerdos salvajes participan en la transmisión de la fasciolosis, pues forman parte de la contaminación ambiental con huevos del parásito. De igual manera menciona, que entre los cerdos salvajes parasitados en los que se pudo aplicar la prueba ELISA MM3-COPRO, se excretan *Fasciola coproantigen*, a pesar de que los huevos del parásito no fueron detectados en sus heces. Los resultados obtenidos en el análisis de Mezo, muestra que las duelas hepáticas de los cerdos salvajes presentan un tamaño y una forma intermedios cuando se combinan comparado con parásitos de ovejas y vacas. El tamaño máximo que alcanza *F. hepatica* en estos animales es menor que en bovinos, pero mayor que en ovinos.⁶⁷

La enfermedad puede conducir a una hepatitis traumática o a una colofonia hiperplásica crónica. Las infecciones por *F. hepatica* se asocian comúnmente a los rumiantes y con menos frecuencia a los cerdos, ya que no suelen alimentarse de pastos contaminados¹⁰⁹

Finalmente, Sgroi menciona haber encontrado huevos en el útero del trematodo, lo que demostró que este huésped puede estar involucrado en la propagación de este parásito.¹⁰⁹

Ectoparásitos

a) Sarna

La sarna sarcóptica, causada por el ácaro excavador *Sarcoptes scabiei*, es una enfermedad de la piel altamente contagiosa que ocurre en todo el mundo y afecta a una amplia gama de especies silvestres y mamíferos domésticos y humanos.⁵⁰

Por otro lado, poco se sabe sobre *S. scabiei* en los cerdos ferales, en el que los signos son leves y la mortalidad es poco común.⁵⁰

Haas menciona, que los jabalíes jóvenes son más probables de ser seropositivos que los adultos, aun que señala de manera puntual que se deben tomar las reacciones inespecíficas; por lo que se entiende que una seroprevalencia más alta en estos animales jóvenes sugiere una primera exposición a los ácaros en la vida temprana. Además, los anticuerpos contra *S. scabiei* persisten hasta un año después de la eliminación de los ácaros, por lo que es posible que no se detecten anticuerpos en adultos a menos que haya una reinfección.⁵⁰

Añadido a esto, la infección por *S. scabiei* se puede caracterizar por niveles menores de anticuerpos IgG y niveles de anticuerpos IgE más altos durante la primera fase de infección; por todo esto, el adulto puede ser seropositivo con menos frecuencia que los juveniles, ya que el ELISA detecta anticuerpos IgG en lugar de IgE.⁵⁰

Haas menciona, los datos encontrados en su estudio indican que *S. scabiei* puede distribuirse en un área más grande al considerar sólo la naturaleza del verraco con signos clínicos de sarna.⁵⁰

La importancia de esta enfermedad radica en que se han encontrado portadores sanos de *S. scabiei* tanto cerdos ferales, como cabra montés (*Capra pyrenaica*) y humanos; y existen investigaciones que señalan que después de un pico de sarna sarcóptica en una población de ungulados salvajes, cuando la mayoría de los animales son sensibles a la infección han desaparecido, el ácaro sigue propagándose entre los animales supervivientes a pesar de la ausencia de signos clínicos.⁵⁰

En contra parte, la detección de jabalíes seropositivos a *S. scabiei* en una población sin casos clínicos aparentes o que son conocidos, no solo puede deberse a reacciones falsas positivas, sino también podría ser por la presencia del parásito en la población

y la existencia de un equilibrio huésped-parásito. Pues la gravedad de los signos clínicos está relacionada directamente con la capacidad del huésped para controlar la infestación de ácaros.⁵⁰

Aunque la aparición de los casos clínicos llega a tener una mejor detección gracias a las técnicas de seguimiento como: el fototrampeo, mayor conciencia de la enfermedad, o incluso a una verdadera emergencia de la enfermedad provocada por la densidad de la población que es anfitriona, la disponibilidad de alimentos para estas poblaciones, estos y otros factores son punto claves que se cree que influye en el curso de las infecciones por *S. scabiei*⁵⁰

b) Hematopinosis

Cleveland en 2017, menciona en su estudio que los piojos son comunes en cerdos domésticos y cerdos ferales, y en especial *H.suis* quien ha sido reportado que pueden llegar a transmitir el virus de la viruela porina y peste porcina clásica.²⁶

c) Acariosis

Existe una necesidad de la realización de métodos eficientes de vigilancia para las garrapatas; pues el cambio climático provoca cambios en el rango habitable de vectores, permitiéndoles expandirse a nuevas regiones. Además, se menciona que, al menos 99 especies de garrapatas exóticas, incluyendo a los vectores conocidos de enfermedades, han sido importadas a Estados Unidos o descubiertos en los puertos de entrada, de esto la gran preocupación por la vigilancia.⁶⁶

Las garrapatas transmiten una mayor variedad de agentes infecciosos que cualquier otro grupo de organismos “chupadores de sangre” conocidos como artrópodos.⁹⁸

Los buenos huéspedes centinela son especies que son fácilmente observables y más propensos que otros a estar expuestos a las garrapatas; estos en el muestreo se pueden detectar mejor las garrapatas que se encuentran en bajas densidades en el medio ambiente o que no responden al huésped. Sin embargo, el huésped centinela ideal depende de la especie de garrapata y la etapa de vida de interés. Por ejemplo, en el caso de detección de adultos de muchas especies de garrapatas, un centinela ideal sería un huésped vertebrado que tiene un tamaño corporal mediano a grande.⁶⁶

Amblyomma maculatum, fue la garrapata recolectada con mayor frecuencia en los cerdos ferales. Además, se encontraron en los estudios de Merrill, que 39 adultos de tres especies de garrapatas ixódidas, tales como *Amblyomma auricularium*, *A. maculatum*, *D. variabilis* e *I. scapularis*. Hay que destacar que, señala las garrapatas de la Costa del Golfo (*A. maculatum*) fueron las especies más recolectados de cerdos

salvaje. Se reportan en varios estudios que, los ungulados y carnívoros representan la mayoría de las huéspedes para adultos de *A. maculatum*, aunque hay que destacar alguna fauna silvestre presente en el estudio de Mirrell, donde menciona encontrar venado cola, caballos (*Equus caballus*), coyotes (*Canis latrans Say*) y otros huéspedes adecuados que están presentes en el sitio de estudio, reduciendo de esta manera la carga de *A. maculatum* en los cerdos salvajes, así como la disminución de la población buscadora de huéspedes.⁶⁶

Reportes señalan que *Amblyomma auricularium* no es nativa de los Estados Unidos, pero está presente en el sur de Florida⁶⁶

Amblyomma maculatum, se destaca por ser también puede un vector de “Panola Mountain Ehrlichia” o conocida como la erliquiosis, que causa enfermedades en humanos y perros. Además, *Amblyomma maculatum* también es un vector de *Ehrlichia ruminantium*, el agente causante de la hidropatía, una enfermedad extraña de los rumiantes que puede ser devastadora para los animales.⁶⁶

En cuanto a *Ixodes scapularis*, esta garrapata se establece en la mayor parte de Florida y ha sido reportado de una amplia variedad de huéspedes.⁶⁶

Y *Dermacentor variabilis* se distribuye en todo Estados Unidos excepto en partes de la región de las Montañas Rocosas y se ha reportado en la mayoría de los condados de Florida. Por otro lado, *Dermacentor variabilis* se considera como el vector principal en el este de Estados Unidos de *Rickettsia rickettsii*, el agente causal de la Fiebre maculosa de la montaña en humanos y los adultos son vectores competentes de *Francisella tularensis*, el agente causante de la tularemia en humanos. Añadido a esto, *Dermacentor variabilis* también es un vector de *Anaplasma marginale*, el agente etiológico de la anaplasmosis bovina y actualmente la única enfermedad transmitida por garrapatas reconocida que afecta directamente la producción de ganado en los Estados Unidos.⁶⁶

Merrill, menciona en el mismo estudio un método de recolección eficaz en estos animales, el arrastre, y es quien señala que el aumento de la altura de la vegetación donde se suspende la tela de arrastre sobre el suelo, evitando de esta manera el contacto con la vegetación inferior disminuye la eficiencia del arrastre, para las etapas inmaduras que se logran buscar a alturas más bajas que los adultos.⁶⁶

En el este de los Estados Unidos, *Ixodes scapularis* es el vector principal de *Borrelia burgdorferi*, *Anaplasma phagocytophilum* y virus de la garrapata del venado (virus *Powassan* linaje II), los agentes causantes de la enfermedad de Lyme, anaplasmosis

humana y encefalitis viral en humanos, respectivamente. Como lo muestra el cuadro realizado por Merrill (Cuadro 29).⁶⁶

Parásito	Lugar	Referencia
<i>Amblyomma americanum</i>	Alabama	Smith et al., 1982
	Arkansas	Smith et al., 1982
	Florida	Greiner et al., 1984; Allan et al., 2001; Hertz et al., 2017
	Georgia	Hanson and Karstad, 1959;
	Kentucky	Smith et al., 1982
	Carolina del Sur	Fritzen et al., 2011
	Texas	Smith et al., 1982
	Virginia	Shender et al., 2002; Sanders et al., 2013 Smith et al., 1982
<i>Amblyomma auricularium</i>	Florida	Allan et al., 2001; Mertins et al., 2017
<i>Amblyomma breviscutatum</i>	Guam	Cleveland et al., 2017
<i>Amblyomma cajennense</i>	Texas	Coombs and Springer, 1974; Shender et al., 2002; Sanders et al., 2013
<i>Amblyomma maculatum</i>	Arkansas	Smith et al., 1982
	Florida	Smith et al., 1982; Greiner et al., 1984; Allan et al., 2001; Hertz et al., 2017
	Georgia	Hanson and Karstad, 1959
	Mississippi	Smith et al., 1982
	Texas	Coombs and Springer, 1974; Shender et al., 2002; Sanders et al., 2013; Corn et al., 2016

<i>Amblyomma mixtum</i>	Texas	Corn et al., 2016
<i>Amblyomma tenellum</i>	Texas	Corn et al., 2016
<i>Dermacentor albipictus</i>	Texas New Hampshire	Sanders et al., 2013 Musante et al., 2014
<i>Dermacentor halli</i>	Texas	Sanders et al., 2013; Corn et al., 2016
<i>Dermacentor variabilis</i>	Florida Georgia Kentucky Carolina del Sur Tennessee Texas	Smith et al., 1982; Greiner et al., 1984; SCWDS records reported in Davidson et al. (1987); Allan et al., 2001; Hertz et al., 2017 Hanson and Karstad, 1959; Smith et al., 1982 Fritzen et al., 2011 Smith et al., 1982 Henry and Conley, 1970 Springer, 1973; Shender et al., 2002; Sanders et al., 2013; Corn et al., 2016
<i>Ixodes scapularis</i>	Florida Georgia Louisiana Carolina del Sur Texas	Smith et al., 1982; Greiner et al., 1984; SCWDS records reported in Forrester (1992); Allan et al., 2001; Hertz et al., 2017 Smith et al., 1982 Smith et al., 1982 Smith et al., 1982

		Coombs and Springer, 1974; Sanders et al., 2013
--	--	---

Cuadro 29 Presencia de ácaros en el mundo.

Por otro lado, Ruiz menciona, *Anaplasma marginale*, *A. phagocytophilum*, *Babesia* sp., *Theileria* sp., *Rickettsia slovaca*, *Rickettsia DnS28* y *Ehrlichia* sp. fueron detectados en algunas de las garrapatas ixodes en su trabajo.⁹⁸

Otro gran logro que tuvo Ruiz con su estudio fue, tener la primera descripción de *Hy. anatolicum excavatum* y *Hy. marginatum rufipes* que parasitan a ungulados silvestres de España. Esta es una garrapata africana, por lo que el hallazgo de estas garrapatas africanas podría sugerir el papel de la migración de las aves como una forma de introducción de la garrapata exótica.⁹⁸

R. annulatus es vector de patógenos para el ganado, especialmente para *Babesia* sp.⁹⁸

La piroplasmosis es endémica en bovinos de la región California. Ruiz, confirma su presencia en el cerdo salvaje del centro-sur de España⁹⁸

Las poblaciones de garrapatas Ixodes probablemente están aumentando debido a la creciente disponibilidad de ungulados silvestres⁹⁸

RESISTENCIA ANTE LAS ENFERMEDADES

Los factores genéticos influyen directamente en el resultado de las enfermedades infecciosas, por lo que, actualmente los estudios de asociación del genoma completo (o también llamado: GWAS) son una parte fundamental dado que se puede comprender la dinámica de la enfermedad y de esta manera informar para así prevenir el contagio de las enfermedades infecciosas de los cerdos salvajes a los cerdos doméstico o viceversa. Por lo que, los loci que puedan ser identificados y los genes candidatos juegan un papel importante en la respuesta inmune del huésped a la infección.³⁶

Queirós menciona la importancia de deslumbrar el tema de la resistencia ante las enfermedades donde los mecanismos genéticos de los animales que involucran en la susceptibilidad a las enfermedades pueden conducir a una mejor comprensión de la patogénesis de las enfermedades y de esta manera el desarrollo de nuevas estrategias para la prevención y el tratamiento de las mismas en humanos y animales sean eficaces.⁹⁰

La resistencia ante las enfermedades, tienen implicaciones importantes para las poblaciones de la vida silvestre ya que una de las pocas medidas de control de enfermedades disponibles en la naturaleza actualmente es a través del régimen del huésped, que suele abarcar la reducción de la densidad de población en su mayoría mediante la caza.⁹⁰

Lang en el 2000 menciona en su estudio que el locus PGM2, es un marcador que diferencia la mortalidad en un animal, por lo que la supervivencia de la población ante la Fiebre porcina clásica no es algo aleatorio sino algo genético.⁵⁹

Por otra parte, Pérez en el año 2009, menciona en su escrito ya estudiando como tal a la población de cerdos salvajes y a una enfermedad, que los cerdos ferales vacunados contra la tuberculosis expresaron genes inmunoreguladores, con esto Ballesteros en el mismo año tomaron muestras de doce lechones de entre 3-4 meses de edad y se realizaron pruebas como PCR en tiempo real, necropsia e histopatología; señalando que estos animales con inmunización oral BCG se obtienen una elevada de expresión génica de inmunoreguladores.⁷

McCleary en el 2020 menciona en su estudio de peste porcina africana que, la proteína viral A238L comparte homología con el I κ B α porcino y puede sustituir a esta proteína porcina, uniéndose a la subunidad RELA (p65) de NF- κ B y reduciendo de esta manera su capacidad para activarse. Es decir, las diferencias en el cerdo feral están en las regulaciones de las respuestas inmunes innatas y adaptativas, que en si pueden llegar a representar una adaptación del huésped al agente microbiológico y es por ello que existen individuos con falta de fiebre hemorrágica de la peste porcina africana en estos animales y que si se observa en los cerdos domésticos.⁶³

Rivero en 2020, menciona la hipótesis de que *la G. duodenalis* y *Blastocystis* sp. podría tener un efecto de protección sobre la adquisición de HEV en cerdos e invita a otros del gremio a realizar investigaciones en cerdos ferales y su resistencia ante las enfermedades.⁹⁶

Cecchi por su parte en el año 2021, menciona que su investigación no logró afirmar la resistencia genética que tienen estos animales hacia *Campylobacter* spp, pero más tarde el mismo autor señala la importancia de realizar otros estudios con la misma finalidad de obtener la información.¹⁷

Cecchi en el año 2021, menciona que estudios revelan la compleja estructura genética de los cerdos salvajes; además, existen investigaciones que señalan dos clados de ADN mitocondrial: europeo y asiático. El clado europeo es el más generalizado, en cambio el asiático tiene mayor

variación genética; ambos clados incluyen cerdos ferales y cerdos domésticos. Donde existen individuos y poblaciones con clados mixtos gracias al mestizaje.¹⁷

Adicionalmente, Queirós menciona que la tuberculosis en estos animales, depende mucho de su variabilidad genética, que tiene que ver con la metilmalonil CoA mutasa (MUT), complemento componente 3 (C3) y otros genes de respuesta inmunitaria innata y adaptativa, que se han relacionado con la genética del huésped ante la susceptibilidad a la TB. Además, el gen NFATC2, es un regulador importante de la proteína derivada de células T y la expresión génica de citoquinas, particularmente como un regulador clave de interferón- γ (IFN- γ) y factor de necrosis tumoral- α (o comúnmente llamado TNF- α) transcripción, que son dos de los mecanismos utilizados por las micobacterias patógenas para sobrevivir y persistir en el huésped.⁹⁰

En cambio, De la Rosa menciona en su estudio que el éxito de un parásito para establecerse en un huésped depende en gran medida de la capacidad del huésped para montar una respuesta inmune adecuada.³⁰ En cuanto a este tema, se sabe que la oviposición de los helmintos es intermitente. Por lo que, las técnicas serológicas y las técnicas de examen de heces deben considerarse como técnicas complementarias para de esta manera realizar una interpretación global de la situación; pues de esta manera, la sensibilidad de las técnicas de examen de heces y la presencia de anticuerpos de reacción cruzada en los diferentes helmintos y otros parásitos, si no se interpretan de manera correcta, podrían sobreestimar o subestimar la prevalencia del agente patológico.³⁰

Por otra parte, Palgrave menciona que, la capacidad de un virus para persistir en un huésped mientras mata a otro huésped relacionado genéticamente se relaciona directamente con la posibilidad de que la gravedad de la enfermedad pueda llegar a ser modulada o controlada por la variación genética del huésped. Es decir, los diversos factores inmunomoduladores candidatos codificados en este caso por ASFV, como los homólogos de CD2 (8-DR/CD2v), IAP (A224L), Bcl-2 (A179L; 5-HL) e IB (A238L; 5-EL) terminan por ser regulados por los cerdos salvajes. Por lo que Palgrave por su estudio demostró que la variante RELA encontrada en cerdos ferales tiene el potencial diferenciar entre la tolerancia y la muerte rápida tras la infección con ASFV.⁸³

ANÁLISIS DE INFORMACIÓN

La información recabada desde el año 2000 hasta el año 2022, de microorganismos patógenos como lo son: bacterias, virus, hongos y parásitos; además de la información sobre la resistencia ante las enfermedades por el centro de este trabajo: cerdos ferales; la problemática que existe mundialmente con estos animales no sólo por el daño ambiental irreversible sino por jugar un papel importante en la transmisión de las diversas enfermedades descritas.

Los autores consultados como: De la Rosa, Cleveland, Frediksson, por mencionar algunos hacen énfasis en sus diversos trabajos de investigación la preocupación que existe por la presencia desmedida de estos animales y la poca información que existe de esta misma, por consecuencia nulos o pocos estudios previos a los que realizaron. Y si bien no son los únicos seres vivos y menos de la vida silvestre que participan en el ciclo de vida de estos patógenos, son unos de los que representan una problemática por su rápida reproducción, falta de un depredador, lo que ocasiona una sobrepoblación y resistencia ante las enfermedades.

La realización de este trabajo dejó entre ver la profundidad que existe para el tema, el déficit de programas de control y mitigación para esta especie ya que no existe una relación interdisciplinaria en estos provocando de esta manera el fracaso por los países como es el caso de: España, Japón, China, México, Estados Unidos o Australia por sólo mencionar algunos. Por consiguiente, existen mayores estudios teniendo un enfoque bacteriológico y parasitario, pero pocos con un enfoque viral o simplemente acaparando un tema actual: Peste porcina africana y muy pocos adentrándose en lo que debería ser de suma importancia: la resistencia de estos animales hacia las enfermedades.

En México no existen una gran cantidad de estudios como lo son en otras partes del mundo a pesar de que estos animales se encuentren ya dispersados en el territorio mexicano.

Así, bien los animales silvestres y no sólo el estudiado: cerdo feral, suelen ser reservorios de patógenos infecciosos representando una gran limitación en la implementación de estrategias, programas y toma de decisiones en el manejo de enfermedades y su epidemiología.

Si bien, los enfoques a largo plazo de los programas de prevención y control brindan una posición temporal amplia para de esta manera comprender y determinar la dinámica huésped-patógeno, permitiendo conocer que fue lo que impulsó a la introducción, persistencia y mantenimiento de las diversas enfermedades que afectan al ecosistema del huésped. La vigilancia que va de la mano con las enfermedades silvestres como así lo relatan diversos autores como Cilia, es esencial el monitoreo de la población de estudio que este caso serán los cerdos ferales, para así obtener una evaluación del riesgo de las enfermedades y así las personas y organismos competente lograrán obtener decisiones que realmente sean eficaces.

Sin dejar atrás, los programas de control y prevención deberían basarse en el diagnóstico oportuno, eficaz y confiable, mediante la caza, fototrampeo, u otras técnicas de contención de manera digna de los animales infectados, en consecuencia, determinar las zonas de restrictivas, que tendrían mínimos movimientos de las poblaciones y por supuesto el rastreo de los posibles contactos que podrían llegar a tener estos animales con su entorno. Tanto que, la vacunación profiláctica en estos programas y los tratamientos serían fundamentales.

Las vías de transmisión llegan a ser por contactos y puede ser por una transmisión directa como lo son, luchas, apareamientos y/o indirecta como lo son compartir el mismo hábitat contaminado y puede ser afectadas por los humanos y sus actividades como la agricultura, ganadería o la caza.

En todo el mundo, los cerdos salvajes están infectados por diversas enfermedades graves con potencial de causar severos daños en las producciones, por consecuencia daños en la salud pública y pérdidas económicas.

Estos estudios recabados han proporcionado una comprensión del comportamiento de las diversas enfermedades en las poblaciones de cerdos ferales, mencionan además la importancia de la erradicación de estos animales de manera que la despoblación es completamente necesaria para la erradicación de las enfermedades y su potencial peligro de transmisión a las especies ganaderas y al humano.

Por otra parte, las condiciones ambientales sobre las poblaciones de cerdos salvajes y su distribución aleatoria en conjunto con las densidades de las poblaciones variarán dependiendo del hábitat; en resumen la ecología del huésped es un factor importante que

contribuye a los patrones de la aparición de patógenos en un ecosistema, a través del movimiento de los animales propicia directamente la propagación de la transmisión directa e indirecta de las enfermedades y de esta manera se puede llegar a introducir un patógeno en poblaciones que no existía.

La composición del ecosistema influye en la exposición de un huésped a patógenos facilitando o dificultando el contacto entre individuos o grupos.

CONCLUSIONES

Los cerdos ferales son una especie de plaga exótica e invasora alrededor del mundo. A pesar de los grandes esfuerzos de los gobiernos de control y erradicar estos animales todo ha sido un fracaso pues estos animales cada año aumentan su número encontrándose actualmente caminando en el grandes ciudades. En consecuencia, los hábitats donde se encuentran estos animales resultan con daños irreversible.

La diversidad de enfermedades que se presentó a lo largo de este estudio sólo es un poco de lo que estos animales pueden causar, llevando desde pérdidas económicas millonarias, pérdida de biodiversidad y contagio de enfermedades; Latinoamérica no tiene una diversidad de estudios que puedan ayudar a la porcicultura a evitar el contagio de estas enfermedades a sus animales y menos en la difusión de la problemática de estos mismos.

A lo largo de estos últimos años únicamente se han visto a los cerdos ferales como un posible trasmisor de Peste Porcina Africana y es por ello que se le conoce más, aunque no solo es este virus el que puede transmitir sino una diversidad de patógenos importantes.

Existen situaciones en las que hay una ausencia de huéspedes o vectores, aunque de este modo, se requiere contacto directo o indirecto para la transferencia de los organismos infecciosos entre cerdos ferales, a cerdos domésticos u otra especie doméstica e incluso el mismo hombre y viceversa. En resumen, la situación actual de estos animales es preocupante y desde hace años la comunidad científica ha tratado de descubrir el verdadero iceberg de estos animales; en cambio estos no son únicamente parte del problema sino la poca comunicación que existe entre los gobiernos y la comunidad científica sin resultar en programas de control, prevención y erradicación eficaz.

Existen mucho que continuar investigando y este trabajo espera motivar a la comunidad científica a continuar con los estudios para así lograr minimizar las pérdidas económicas, transmisiones zoonóticas y obtener la verdadera epidemiología de las enfermedades y el verdadero papel de los cerdos ferales en la misma epidemiología de estas. Se espera que en México y otros países de Latinoamérica se puedan unir al interés de realizar estudios en estos animales considerados como una especie exótica alrededor del mundo.

REFERENCIAS

1. Acosta Belen Diana, Español Laureano Angel, Ezequiel Figueroa Carlos, autores. Wild pigs (*Sus scrofa*) population as reservoirs for deleterious mutations in the RYRI gene associated with Porcine Stress Syndrome. *Veterinary and Animal Science*. [Internet] 2021 [Consultado 06 Feb 2022]; 11 (100160) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2451943X20300739>
2. Adlhoch Cornelia, Kaiser Marco, Ellerbrok Heinz y Pauli Jorge. High prevalence of porcine Hokovirus in German wild boar populations. *Virology Journal*. [Internet] 2010 [Consultado 15 Feb 2022]; 7 (171) Disponible en: <https://virologyj.biomedcentral.com/articles/10.1186/1743-422X-7-171>
3. Ajema ChebichiLuvai Elizabeth, LeoUchida, Myat NgewTurn, autores. Seroepidemiological surveys of tick-borne encephalitis virus and novel tick-borne viruses in wild boar in Nagasaki, Japan. *Ticks and tick-borne diseases*. [Internet] 2021 [Consultado 02 Mar 2022]; 13 (1) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877959X21002132>
4. Anderson Aaron, Slotmaker Chris, Harper Erin, autores. Predation and disease-related economic impacts of wild pigs on livestock producers in 13 states. *Crop Protection*. [Internet] 2019 [Consultado 12 Feb 2022]; 121 (121) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S026121941930081X>
5. Arrausia Subiza Maialen, Gerrikagoitia Xneider, Alvares Vega, autores. Prevalence of *Yersinia enterocolitica* and *Yersinia pseudotuberculosis* in wild boars in the Basque Country, northern Spain. *AVS*. [Internet] 2016 [Consultado 22 Feb 2022]; 58 (4) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-016-0184-9>
6. Ashari Ali, Sadrebazaz Alireza, Shamsi Laya y Shams Morteza. Global prevalence, subtypes distribution, zoonotic potential, and associated risk factors of *Blastocystis* sp. in domestic pigs (*Sus domesticus*) and wild boars (*Sus scrofa*): A systematic review and meta-analysis. *Microbial Pathogenesis*. [Internet] 2021 [Consultado 02 Sep 2022]; 160 (105183) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0882401021004575?via%3Dihub>
7. Ballesteros C, M. Garrido J, Vicente J, autores. First data on Eurasian wild boar response to oral immunization with BCG and challenge with a *Mycobacterium bovis* field strain. *Vaccine*. [Internet] 2009 [Consultado 20 Sep 2022]; 12 (27) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19747578/>

8. Barasona Jose A., Barroso Arevalo Sandra, Rivera Belén, autores. Detection of Antibodies against *Mycobacterium bovis* in Oral Fluid from Eurasian Wild Boar. Pathogens. [Internet] 2020 [Consultado 19 Feb 2022]; 9 (4) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7238047/>
9. Barroso Patricio, A. Risalde María, García Bocanegra Ignacio, autores. Long-Term Determinants of the Seroprevalence of the Hepatitis E Virus in Wild Boar (*Sus scrofa*). Animals. [Internet] 2021 [Consultado 17 Feb 2022]; 11 (6) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8235029/>
10. Blome Sandra, Staubach Christoph, Henke Julia, autores. Classical Swine Fever-An Updated Review. MDPI. [Internet] 2017 [Consultado 26 Ene 2022]; 9 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28430168/>
11. Blome Sandra, Franzke Kati y Beer Martin. African swine fever - A review of current knowledge. Virus Research. [Internet] 2020 [Consultado 26 Ene 2022]; 287 (198099) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32755631/>
12. Boadella Mariana, Gortazár Christian, Vicente Joaquín, autores. Wild boar: an increasing concern for Aujeszky's disease control in pigs?. BMC Vets. [Internet] 2012 [Consultado 07 Feb 2022]; 8 (7) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22251441/>
13. Boadella Mariana y Gotazar Christian. Effect of haemolysis and repeated freeze-thawing cycles on wild boar serum antibody testing by ELISA. BMC Research Notes. [Internet] 2011 [Consultado 16 Feb 2022]; 4 (498) Disponible en: <https://bmcresearchnotes.biomedcentral.com/articles/10.1186/1756-0500-4-498>
14. Borza Claudia, M. Neghina Adriana, Dumitrascu Victor, autores. Epizootiology of trichinellosis in pigs and wild boars in Western Romania, 1998-2011. vector-Borne and Zoonotic Diseases. [Internet] 2012 [Consultado 04 Ago 2022]; 12 (8) Disponible en: <https://www.liebertpub.com/doi/full/10.1089/vbz.2011.0955>
15. Busch Anne, Möller Jens, Burkovski Andreas y Hotzel Helmut. Genome sequence of a pathogenic *Corynebacterium ulcerans* strain isolated from a wild boar with necrotizing lymphadenitis. BMC Research Notes. [Internet] 2019 [Consultado 12 Mar 2022]; 12 (692) Disponible en: <https://bmcresearchnotes.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13104-019-4704-3>
16. Casades Martí Laia, Gonzalez Barrio David, Royo Hernández Lara, autores. Dynamics of Aujeszky's disease virus infection in wild boar in enzootic scenarios. Wiley. [Internet] 2020 [Consultado 07 Feb 2022]; 67 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31536143/>
17. Castagna de Vargas Agueda, Monego Fernanda, Trevisan Gressler Letícia, autores. Bronchopneumonia in wild boar (*Sus scrofa*) caused by *Rhodococcus equi* carrying the VapB type 8 plasmid. BMC research notes. [Internet] 2013 [Consultado 22 Sep 2022]; 6 (111) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23531380/>

18. Castillo Contreras Raquel, Marín Martha, López Olvera Jorge Ramón, autores. Zoonotic *Campylobacter* spp. and *Salmonella* spp. carried by wild boars in a metropolitan area: occurrence, antimicrobial susceptibility and public health relevance. *Science of The Total Environment*. [Internet] 2022 [Consultado 02 Mar 2022] Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969722005368>
19. Cecchi Francesca, Chiara Fabbri María, Nuvoloni Roberta, autores. Genetic resistance to *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* in wild boar (*Sus scrofa* L.). *Rediconti Linnei Scienze Fisiche e Naturali*. [Internet] 2022 [Consultado 05 Mar 2022]; 281 Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12210-022-01052-1>
20. Charrier Francois, Rossi Sophie, Jori Ferran, Maestrini Oscar, autores. Aujeszky's Disease and Hepatitis E Viruses Transmission between Domestic Pigs and Wild Boars in Corsica: Evaluating the Importance of Wild/Domestic Interactions and the Efficacy of Management Measures. *Frontier in Veterinary Science*. [Internet] 2018 [Consultado 05 Mar 2022];24 Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2018.00001/full>
21. Cheng LiTian, Chijiwa Katsumi, Sera Nonoyuki, autores. Hepatitis E virus transmission from wild boar meat. *Emerging Infectious Diseases*. [Internet] 2005 [Consultado 19 Sep 2022]; 11(12) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16485490/>
22. Cilia Giovanni, Bertelloni Fabrizio, Cerri Domenico y Fratini Filippo. *Leptospira fainei* Detected in Testicles and Epididymis of Wild Boar (*Sus scrofa*). *Biology* [Internet] 2021 [Consultado 19 Feb 2022]; 10 (3) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7999772/>
23. Cilia Giovanni, Bertelloni Fabrizio, Angelini Marta, autores. *Leptospira* Survey in Wild Boar (*Sus scrofa*) Hunted in Tuscany, Central Italy. *Pathogens*. [Internet] 2020 [Consultado 17 Feb 2022]; 9 (5) <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7281521/>
24. Cilia Giovanni, Bertelloni Fabrizio, Cerri Domenico, Fratinni Filippo. *Leptospira fainei* Detected in Testicles and Epididymis of Wild Boar (*Sus scrofa*). *Biology*. [Internet] 2021 [Consultado 23 Sep 2022]; 10 (193) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7999772/>
25. Cilia Giovanni, Fratinni Filippo, Turchi Barbara, autores. Genital *Brucella suis* Biovar 2 Infection of Wild Boar (*Sus scrofa*) Hunted in Tuscany (Italy). *Microorganisms*. [Internet] 2021 [Consultado 22 Feb 2022]; 9 (3) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7998269/>
26. Cleveland A. Christopher, DeNicola Anthony, Dubey J.P, editores. Survey for selected pathogens in wild pigs (*Sus scrofa*) from Guam, Marianna Islands, USA. *PMC*. [Internet] 2017 [Consultado 28 Ene 2022]; 205 (22) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7117193/>

27. Cowled Brendan, Garner Graeme, autores. A review of geospatial and ecological factors affecting disease spread in wild pigs: considerations for models of foot-and-mouth disease spread. *Prev vet Med.* [Internet] 2008. [Consultado 26 Ene 2022]; 87 (3) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18508144/>
28. Cowled Brendan, Garner Graeme, Negus Katherine y P Ward Michael. Controlling disease outbreaks in wildlife using limited culling: modelling classical swine fever incursions in wild pigs in Australia. *Springer Link.* [Internet] 2012 [Consultado 12 Feb 2022]; 42 (3) Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1186/1297-9716-43-3>
29. Dascalu Anca Mihaela, Wasneuski Marino, Picard Meyer Evelyne, autores. Detection of rabies antibodies in wild boars in north-east Romania by a rabies ELISA test. *BMC Veterinary Research.* [Internet] 2020 [Consultado 12 Mar 2022]; 15 (466) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-019-2209-x>
30. De la Rosa Arana Jorge Luis, Ponce Noguez Jesús Benjamin, Reyes Rodriguez Nydia, autores. Helminths of the Wild Boar (*Sus scrofa*) from Units of Conservation Management and Sustainable Use of Wildlife Installed in the Eastern Economic Region of Mexico. *Animals.* [Internet] 2021 [Consultado 17 Feb 2022]; 11 (1) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7825449/>
31. De Maio Federico Andrés, Winter Marina, Abate Sergio, autores. Molecular detection of *Porcine cytomegalovirus* (PCMV) in wild boars from Northeastern Patagonia, Argentina. *Revista Argentina de Microbiología.* [Internet] 2021 [Consultado 01 Mar 2022]; 53 (325) Disponible en: <https://www.elsevier.es/es-revista-revista-argentina-microbiologia-372-pdf-S0325754121000067>
32. De Mendoza J. Hermoso, Parra A., Tato A., autores. Bovine tuberculosis in wild boar (*Sus scrofa*), red deer (*Cervus elaphus*) and cattle (*Bos taurus*) in a Mediterranean ecosystem (1992-2004). *Preventive veterinary medicine.* [Internet] 2006 [Consultado 23 Sep 2022]; 74 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16297475/>
33. De la Muela Nuria, Hernandez de Lujan Sebastián, Ferre Ignacio. Helminths of wild boar in Spain. *Journal of Wildlife Diseases.* [Internet] 2001 [Consultado 10 Sep 2022]; 37 (4) Disponible en: <https://meridian.allenpress.com/jwd/article/37/4/840/122904/Helminths-of-Wild-Boar-in-Spain>
34. Di Nicola U, Scacchia M, Marruchella G. Pathological and serological findings in wild boars (*Sus scrofa*) from Gran Sasso and Monti della Laga National Park (Central Italy). *Large Animal Review.* [Internet] 2015 [Consultado 12 Mar 2022]; 21 (167) Disponible en: https://www.vetjournal.it/images/archive/pdf_riviste/4693.pdf
35. F. Müller Thomas, Teuffert Jürgen, DVM , autores. Experimental infection of European wild boars and domestic pigs with pseudorabies viruses with differing virulence. *American Journal of Veterinary.* [Internet] 2001 [Consultado 01 Sep 2022]; 62 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11212035/>

36. F. Pierce Courtney, R. Brown Viena, C. Olsen Steven, autores. Loci Associated With Antibody Response in Feral Swine (*Sus scrofa*) Infected With *Brucella suis*. *Frontier in Veterinary Science*. [Internet] 2020 [Consultado 02 Mar 2022]; 4 (554674) Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2020.554674/full>
37. Fernández de Mera Isabel G, Gortazar Christian, Vicente Joaquin, autores. Wild boar helminths: risks in animal translocations. *Veterinary parasitology*. [Internet] 2003 [Consultado 20 Sep 2022]; 115 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12944047/>
38. Ferrara Gianmarco, Longobardi Consiglia, D' Ambrosi Filomena, autores. Aujeszky's Disease in South-Italian Wild Boars (*Sus Scrofa*): A Serological Survey. *MDPI*. [Internet] 2021 [Consultado 29 Ene 2022]; 11 (3298) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34828029/>
39. Fredeiksson Ahomaa Maria, London Laura, Skrzypczak Teresa, autores. Foodborne Zoonoses Common in Hunted Wild Boars. *Ecohealth*. [Internet] 2020 [Consultado 27 Ago 2022] 17 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33326058/>
40. Gamito-Santos J A, Gómez L, Calerp-Bernal R, autores. Histopathology of trichinellosis in wild boar. *Veterinary Parasitology* [Internet] 2009 [Consultado 22 Sep 2022]; 165 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19632784/>
41. García Jimenez W. L, Fernandez Llario P, Benitez Medina J.M, autores. Reducing Eurasian wild boar (*Sus scrofa*) population density as a measure for bovine tuberculosis control: effects in wild boar and a sympatric fallow deer (*Dama dama*) population in Central Spain. *Preventive Veterinary Medicine* [Internet] 2013 [Consultado 23 Ago 2022]; 110 (3) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23490145/>
42. Gavrilović Pavle, Pavlović Ivan, Todorović Igor. *Alaria alata mesocercariae* in domestic pigs and wild boars in South Banat, northern Serbia. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. [Internet] 2019 [Consultado 04 Sep 2022] 63 (142) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0147957119300293?via%3Dihub>
43. Gómez Morales María Angeles, Ludovisi Alessandra, Amati Marco, autores. Indirect versus direct detection methods of *Trichinella* spp. infection in wild boar (*Sus scrofa*). *Parasites & Vectors*. [Internet] 2014 [Consultado 15 Feb 2022]; 7 (171) Disponible en: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/1756-3305-7-171>
44. Gorin Stéphane, Fablet Christelle, Quéguirane Stéphane, autores. Assessment of Influenza D Virus in Domestic Pigs and Wild Boars in France: Apparent Limited Spread within Swine Populations Despite Serological Evidence of Breeding Sow Exposure. *Viruses*. [Internet] 2020 [Consultado 16 Feb 2022]; 12 (1) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7019313/>

45. Gortázar Cristián, Beltrán Beck Beatriz, M. Garrido Joseba, autores. Oral re-vaccination of Eurasian wild boar with *Mycobacterium bovis* BCG yields a strong protective response against challenge with a field strain. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2014 [Consultado 15 Feb 2022]; 10 (96) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/1746-6148-10-96>
46. Grantina Levina, Avsejenko Jelena, Cvetkova Svetlana, autores. Seroprevalence of *Brucella suis* in eastern Latvian wild boars (*Sus scrofa*). *AVS*. [Internet] 2018 [Consultado 22 Feb 2022]; 69 (19) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-018-0373-9>
47. Grigas Juozas, Simkute Evelina, Simanavicius Martynas, autores. Hepatitis E genotype 3 virus isolate from wild boar is capable of replication in non-human primate and swine kidney cells and mouse neuroblastoma cells. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2020 [Consultado 12 Feb 2022]; 16 (95) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-020-02315-5>
48. Hayasaka Daisuke, Fuxun Yu, Yoshikawa Akira, autores. Seroepidemiological evidence of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus infections in wild boars in Nagasaki, Japan. *Tropical Medicine and Health*. [Internet] 2016 [Consultado 22 Feb 2022]; 44 (6) Disponible en: <https://tropmedhealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s41182-016-0009-6>
49. Hayashidani Hideki, Kanzaki Nobuo, Kaneko Yuji, autores. Occurrence of yersiniosis and listeriosis in wild boars in Japan. *Journal of Wildlife Diseases*. [Internet] 2002 [Consultado 29 Sep 2022]; 38 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11838217/>
50. Hass Chloé, C. Origi Francesco, Rossi Sofía, autores. Serological survey in wild boar (*Sus scrofa*) in Switzerland and other European countries: *Sarcoptes scabiei* may be more widely distributed than previously thought. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2018 [Consultado 19 Feb 2022]; 14 (117) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5872548/>
51. Hernandez Felipe A, N. Carr Amanda, P. Milleson Michael, editores. Dispersal and Land Cover Contribute to Pseudorabies Virus Exposure in Invasive Wild Pigs. *Ecohealth*. [Internet] 2020 [Consultado 27 Ene 2022]; 17 (4) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8192353/>
52. Hotzel Helmut, Berndt Angela, Melzer Falk, autores. Occurrence of Chlamydiaceae spp. in a wild boar (*Sus scrofa* L.) population in Thuringia (Germany). *Veterinary Microbiology*. [Internet] 2004 [Consultado 01 Oct 2022]; 103 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15381275/>
53. Jarvis T, Kapel Ch, Moks E, autores. Helminths of wild boar in the isolated population close to the northern border of its habitat area. *Veterinary Parasitology*. [Internet] 2007

[Consultado 23 Sep 2022]; 150 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17964726/>

54. Kaba Mamadou, Davoust Bernard, Lou Marie-Jean, autores. Detection of hepatitis E virus in wild boar (*Sus scrofa*) livers. The Veterinary Journal. [Internet] 2010 [Consultado 25 Sep 2022]; 186 (2) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1090023309003190?via%3Dihub>

55. Kaden V. Kramer M., Kern B., autores. Diagnostic procedures after completion of oral immunisation against classical swine fever in wild boar. Revue Scientifique et Technique. [Internet] 2006 [Consultado 27 Sep 2022]; 25 (3) Disponible en: <https://doc.woah.org/dyn/portal/index.xhtml?page=alo&aloId=30607>

56. Kaspar Meier Roman, Ruiz Fons Francisco y Ryser-Degiorgis Marie-Pierre. A picture of trends in Aujeszky's disease virus exposure in wild boar in the Swiss and European contexts. BMC Veterinary Research. [Internet] 2015 [Consultado 18 Feb 2022]; 11 (277) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4636826/>

57. Kuhnert P, Overesh G. Molecular epidemiology of *Mycoplasma hyopneumoniae* from outbreaks of enzootic pneumonia in domestic pig and the role of wild boar. Veterinary Microbiology. [Internet] 2014 [Consultado 22 Sep 2022]; 7 (174) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25236987/>

58. Kuhnert P, Overesh G, Belloy L. Genotyping of *Mycoplasma hyopneumoniae* in wild boar lung samples. Veterinary Microbiology. [Internet] 2011 [Consultado 20 Ago 2022]; 26 (152) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21571452/>

59. Lang Stephane, Pesson Bernard, Klein Francois, autores. Wildlife genetics and disease: allozyme evolution in the wild boar (*Sus scrofa*) caused by a swine fever epidemy. [Internet] 2000 [Consultado 12 Feb 2022]; 32 (303) Disponible en: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/1297-9686-32-3-303>

60. Lei Jianlin, Cao Hong, Yan Lixia, editores. [Characteristics of African swine fever virus and difficulties in vaccine development]. CJB [Internet] 2020. [Consultado 26 Ene 2022]; 36 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32072777/>

61. López Perez Andrés, Sánchez Montes Sokani, Maya Badillo Brenda Aline, editores. Molecular detection of *Rickettsia amblyommatis* and *Rickettsia parkeri* in ticks collected from wild pigs in Campeche, Mexico. Ticks and tick-borne Diseases. [Internet]. 2022. [Consultado 26 Ene 2022]; 14 (1) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877959X21001977?via%3Dihub>

62. Matsumaya Ryota, Yamamoto Takehisa, Hayama Yoko y Omori Ryosuke. Estimation of the Lethality Rate, Recovery Rate, and Case Fatality Ratio of Classical Swine Fever in Japanese Wild Boar: An Analysis of the Epidemics From September 2018 to March 2019. [Internet] 2021 [Consultado 22 Feb 2022]; 8 (772995) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8714742/>

63. McCleary Stephen, Strong Rebecca, McCarthy Ronan R, autores. Substitution of warthog NF- κ B motifs into RELA of domestic pigs is not sufficient to confer resilience to African swine fever virus. *Scientific reports*. [Internet] 2020. [Consultado 06 Feb 2022]; 85 (12) Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-65808-1>
64. McGregor F. Glenna, Gottschalck Marcelo, Godson Dale, autores. Disease risks associated with free-ranging wild boar in Saskatchewan. *The Canadian Veterinary Journal*. [Internet] 2015 [Consultado 22 Feb 2022]; 56 (8) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4502852/>
65. Meng X.J, Lindsay D.S y Sriranganathan N. Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. *The Royal Society Publishing*. [Internet] 2009. [Consultado 27 Ene 2022] ; 364(1530) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2865094/>
66. Merrill M. María, K. Boughton, C. Señor Cynthia, autores. Wild pigs as sentinels for hard ticks: A case study from south-central Florida. *IJP*. [Internet]. 2018 [Consultado 12 Feb 2022]; 7 (2) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213224418300270>
67. Mezo Mercedes, Gonzalez Warleta Marta, Castro Hermida José Antonio, autores. The wild boar (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) as secondary reservoir of *Fasciola hepatica* in Galicia (NW Spain). *Veterinary Parasitology*. [Internet] 2013 [Consultado 20 Ago 2022]; 6 (198) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24103736/>
68. Milicevic V., Radojicic S, Valcic M., autores. Evidence of Aujeszky's disease in wild boar in Serbia. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2016 [Consultado 15 Feb 2022]; 12 (134) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-016-0758-9>
69. Min Rim Ji, WooHan Sun, Kyoung Cho, autores. Survey of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in wild boar in the Republic of Korea. *Ticks and tick-borne diseases*. [Internet] 2021 [Consultado 02 Mar 2022]; 12 (6) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877959X21001667>
70. Minties K., Verloo D., Venot E, autores. Estimating the probability of freedom of classical swine fever virus of the East-Belgium wild-boar population. *Preventive Veterinary Medicine*. [Internet] 2005 [Consultado 27 Sep 2022]; 70 (3) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15953649/>
71. Morandi Federico, Panarese Serena, Verín Ranieri, autores. PCV2-DNA in formalin-fixed and paraffin embedded lymph nodes of wild boar (*Sus scrofa* ssp. *scrofa*): one sampling approach for two laboratory techniques. *Acta Vet Scand*. [Internet] 2012 [Consultado 12 Feb 2022]; 54 (17) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/1751-0147-54-17>

72. Morikawa Momoko, Mitari Sumire, Kojima Isshu, autores. Detection and molecular characterization of *Babesia* sp. in wild boar (*Sus scrofa*) from western Japan. Ticks and tick-borne diseases. [Internet] 2021 [Consultado 02 Mar 2022]; 12 (4) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877959X21000480>
73. Morita Satoshi, Shingosato, Maruyama Soichi, autores. Prevalence and whole-genome sequence analysis of *Campylobacter* spp. strains isolated from wild deer and boar in Japan. Comparative Immunology , microbiology and Infectious disease. [Internet] 2022 [Consultado 02 Mar 2022]; 82 (101766) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0147957122000236>
74. Muller Alexandra, Melo Natacha, Barrio Gonzalez David, editores. AUJESZKY'S DISEASE IN HUNTED WILD BOAR (*SUS SCROFA*) IN THE IBERIAN PENINSULA. BioOne complete. [Internet]. 2021 [Consultado 27 Ene 2022];57 (3) Disponible en: <https://bioone.org/journals/journal-of-wildlife-diseases/volume-57/issue-3/JWD-D-20-00197/AUJESZKYS-DISEASE-IN-HUNTED-WILD-BOAR-SUS-SCROFA-IN-THE/10.7589/JWD-D-20-00197.short>
75. Muñoz Mendoza Marta, Marreros Nelson, Boadella Mariana, autores. Wild boar tuberculosis in Iberian Atlantic Spain: a different picture from Mediterranean habitats. BMC Veterinary Research. [Internet] 2013 [Consultado 04 Ago 2022]; 8 (9) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24010539/>
76. N Carr Amanda, P Milleson Michael, A Hernández Felipe, editores. Wildlife Management Practices Associated with Pathogen Exposure in Non-Native Wild Pigs in Florida, U.S. Viruses [Internet] 2018 [Consultado 28 Ene 2022]; 11 (1) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6356989/>
77. Nahayo Adrien, Bardiau Marjorie, Volpe Rosario. Molecular evidence of *Anaplasma phagocytophilum* in wild boar (*Sus scrofa*) in Belgium. BMC Veterinary Research. [Internet] 2014 [Consultado 12 Mar 2022]; 10 (80) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/1746-6148-10-80>
78. Naranjo Victoria, Gortzar Christian, Vicente Joaquín, De la Fuente José. Evidence of the role of European wild boar as a reservoir of Mycobacterium tuberculosis complex. Veterinary Microbiology. [Internet] 2008 [Consultado 20 Ago 2022]; 5 (127) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18023299/>
79. Nol Pauline, Ionescu Radu, Geremariam Welearegay Tesfalem. Evaluation of Volatile Organic Compounds Obtained from Breath and Feces to Detect *Mycobacterium tuberculosis* Complex in Wild Boar (*Sus scrofa*) in Doñana National Park, Spain. Pathogens. [Internet] 2020 [Consultado 18 Feb 2022]; 9 (5) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7281121/>
80. Nosal Pawel, Kowal Jerzy, Wyrobisz Papiewska Anna y Wajdzik Marek. Gastrointestinal nematodes of European wild boar from distinct agricultural and forest habitats in Poland. Acta Veterinaria Escandinavica. [Internet] 2020 [Consultado 12 Mar

2022]; 62 (9) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-020-0508-7>

81. Nugent G, Gortazar C, Knoles G. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* in wild deer and feral pigs and their roles in the establishment and spread of bovine tuberculosis in New Zealand wildlife. *New Zealand Veterinary Journal*. [Internet] 2015 [Consultado 20 Sep 2022]; 63 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25295713/>

82. Ozolina Zanda, Mateusa Maira, Suksta Lelde, Liepina Linda, autores. The wild boar (*Sus scrofa*, Linnaeus, 1758) as an important reservoir host for *Alaria alata* in the Baltic region and potential risk of infection in humans. *Veterinary Parasitology: Regional studies and reports*. [Internet] 2020 [Consultado 02 Mar 2022]; 22 (100485) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2405939020302665>

83. Palgrave J Christopher, Gilmour Linzi, Stewart Lowden C, autores. Species-Specific Variation in RELA Underlies Differences in NF- κ B Activity: a Potential Role in African Swine Fever Pathogenesis. *Journal of virology*. [Internet] 2011 [Consultado 05 Feb 2022]; 85 (12) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21450812/>

84. Perez de Val Bernat, Sanz Albert, Soler Merce, Allepus Alberto autores. *Mycobacterium microti* Infection in Free-Ranging Wild Boar, Spain, 2017-2019. *CDC*. [Internet] 2019 [Consultado 20 Agos 22]; 25 (11) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31625855/>

85. Perez Rivera Claudia Mariana, Sanvicente López Mauro, Arnaud Franco Gustavo, Carreón Nápoles Rosalba. Detección de anticuerpos contra patógenos en cerdos (*Sus scrofa*) asilvestrados y domésticos de la Reserva de la Biósfera Sierra la Laguna, México. *Veterinaria México*. [Internet] 2017 [Consultado 28 Ene 2022]; 4 (1) Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=73839>

86. Petersen Huss Heidi, Takeuchi Tormenta Nao, Larsen Enemark Heidi, autores. Surveillance of important bacterial and parasitic infections in Danish wild boars (*Sus scrofa*). *Acta Vet Scand*. [Internet] 2020 [Consultado 14 Feb 2022]; 62 (41) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-020-00539-x>

87. Petit Geoffrey, Grosbois Vladimír, Chalvet-Monfray Karine, autores. Polymorphism of the *alpha-1-fucosyltransferase (FUT1)* gene in several wild boar (*Sus scrofa*) populations in France and link to edema disease. *Veterinary Science*. [Internet] 2020 [Consultado 02 Mar 2022]; 131 (78) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0034528819309178>

88. Pig Progress. Disease resistance: Host genetics can impact ASFv. *Pig Progress*. [Internet] 2021 [Consultado 29 Ene 2022]; 24 (01) Disponible en: <https://www.pigprogress.net/pigs/disease-resistance-host-genetics-can-impact-asfv/>

89. Prinz Carolin, Stillfried Milena, Neubert Katharina Lena y Denner Joachin. Detection of PCV3 in German wild boars. *Virology Journal*. [Internet] 2019 [Consultado 16 feb 2022];

16 (25) Disponible en: <https://virologyj.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12985-019-1133-9.pdf>

90. Queensland Government. Feral pig [Internet] Australia. Department of Agriculture and Fisheries . 2020 [Consultado 14 Jul 2022] Disponible en: https://www.daf.qld.gov.au/_data/assets/pdf_file/0005/70925/feral-pig.pdf

91. Querois Joao, Célio Alves Paulo, Vicente Joaquín. autores. Genome-wide associations identify novel candidate loci associated with genetic susceptibility to tuberculosis in wild boar. Scientific reports. [Internet] 2018 [Consultado 05 Mar 2022]; 1980 (8) Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-018-20158-x>

91. Rhimi Wafa, SgROI Giovanni, Inyang Aneke Chioma, autores. Wild Boar (*Sus scrofa*) as Reservoir of Zoonotic Yeasts: Bioindicator of Environmental Quality. Mycopathology [Internet] 2022 [Consultado 05 Mar 2022]; Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/355458207_Wild_boar_Sus_scrofa_as_reservoir_of_zoonotic_yeasts_bioindicator_of_environmental_quality/link/61722c5fc10b387664d2f4e8/download

92. Richomme Céline, Boadella Mariana, Courcoul Aurelié, autores. Exposure of wild boar to Mycobacterium tuberculosis complex in France since 2000 is consistent with the distribution of bovine tuberculosis outbreaks in cattle. Plos One. [Internet] 2013 [Consultado 20 Ago 2022]; 22(8) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24167584/>

93. Richomme Céline, Aubert D, Gilot-Fromont E, autores. Genetic characterization of Toxoplasma gondii from wild boar (*Sus scrofa*) in France. Veterinary Parasitology. [Internet] 2009 [Consultado 20 Sep 2022]; 164 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19592170/>

94. Richomme Céline, Boschiroli María Laura, Hars Jean, autores. Bovine tuberculosis in livestock and wild boar on the Mediterranean island, Corsica. Wildlife diseases. [Internet] 2010 [Consultado 02 Sep 2022]; 46 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20688663/>

95. Rivero Juárez Antonio, A. Risalde María, García Bocanegra Ignacio, autores. Prevalence of hepatitis E virus infection in wild boars from Spain: a possible seasonal pattern?. BMC Veterinary Research.[Internet] 2018 [Consultado 12 Mar 2022]; 14 (54) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-018-1377-4>

96. Rivero Juárez Antonio, Dashti Alejandro, López López Pedro, autores. Protist enteroparasites in wild boar (*Sus scrofa ferus*) and black Iberian pig (*Sus scrofa domesticus*) in southern Spain: a protective effect on hepatitis E acquisition?. Parasites & Vectors [Internet] 2020 [Consultado 14 Feb 2022]; 13 (281) Disponible en: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-020-04152-9>

97. Rudova Nataliia, Buttler Jeremy, Kovalenko Ganna, autores. Genetic Diversity of Porcine Circovirus 2 in Wild Boar and Domestic Pigs in Ukraine. *Viruses* [Internet] 2022 [Consultado 20 Ago 2022]; 28 (14) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35632666/>
98. Ruiz Fons Francisco, G. Fernandez Isabel, Acevedo Pealyo, autores. Ixodid ticks parasitizing Iberian red deer (*Cervus elaphus hispanicus*) and European wild boar (*Sus scrofa*) from Spain: geographical and temporal distribution. *Veterinary Parasitology*. [Internet] 2006 [Consultado 20 Sep 2022]; 140 (1) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304401706002019?via%3Dihub>
99. Ruiz Fons Francisco, Segalés Joaquim, Gortázar Christian. A review of viral diseases of the European wild boar: effects of population dynamics and reservoir rôle. *The veterinary journal*. [Internet] 2008 [Consultado 30 Sep 2022]; 176 (2) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1090023307000883?via%3Dihub>
100. Ruiz Fons Francisco, Vicente Joaquín, Vidal Dolo, autores. Seroprevalence of six reproductive pathogens in European wild boar (*Sus scrofa*) from Spain: the effect on wild boar female reproductive performance. *Theriogenology*. [Internet] 2006 [Consultado 25 Sep 2022]; 65 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16076482/>
101. S. Miller Ryan, Sweeney Steven, Sloomaker Chris, autores. Cross-species transmission potential between wild pigs, livestock, poultry, wildlife, and humans: implications for disease risk management in North America. *Scientific reports*. [Internet] 2017 [Consultado 12 Feb 2022]; 7 (7821) Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-07336-z>
102. Sait Saltik Hasbi, Kale Mehmet, Atli Kamil. First molecular evidence of border disease virus in wild boars in Turkey. *Veterinary Research Communications*. [Internet] 2022 [Consultado 05 Mar 2022]; 46 (243) Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11259-021-09852-w>
103. Sannino Emanuela, Cardillo Lorena, Paradiso Rubina, autores. A correlation of *Mycobacterium bovis* SB0134 infection between cattle and a wild boar (*Sus Scrofa*) in Campania region. *Veterinary and Animal Science*. [Internet] 2021 [Consultado 02 Mar 2022]; 13 (100182) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2451943X21000181>
104. Sannö Axel, Rosendal Tomás Aspán Ana, autores. Distribution of enteropathogenic *Yersinia* spp. and *Salmonella* spp. in the Swedish wild boar population, and assessment of risk factors that may affect their prevalence. *Acta Veterinaria Escandinavica*. [Internet] 2018 [Consultado 12 Mar 2022]; 60 (40) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-018-0395-3>
105. Santos Nuno, Correia Neves Margaroda, Ghebremichael Solomon, autores. Epidemiology of *Mycobacterium bovis* infection in wild boar (*Sus scrofa*) from Portugal.

Wildlife diseases. [Internet] 2009 [Consultado 23 Sep 2022]; 45 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19901381/>

106. Santos Nuno, Geraldine Margarida, Afonso Andreia, autores. Diagnosis of tuberculosis in the wild boar (*Sus scrofa*): a comparison of methods applicable to hunter-harvested animals. PLoS One. [Internet] 2010 [Consultado 29 Sep 2022]; 5 (9) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20844754/>

107. Saxmonse Nielsen Soren, Alvares Julios, Joseph Bicout Dominique, editores. Research priorities to fill knowledge gaps in wild boar management measures that could improve the control of African swine fever in wild boar populations. EFSA Journal. [Internet] 2021 [Consultado 27 Ene 2022]; 19 (7) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8319816/>

108. Scholeser Josefina, Eiden Martín, Viña Rodriguez Ariel, autores. Natural and experimental hepatitis E virus genotype 3 - infection in European wild boar is transmissible to domestic pigs. Veterinary Research. [Internet] 2014 [Consultado 14 Feb 2022]; 45 (121) Disponible en: <https://veterinaryresearch.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13567-014-0121-8>

109. Sgroi Giovanni, Iatta Roberta, Paolo Lia Riccardo, autores. *Fasciola hepatica* in wild boar (*Sus scrofa*) from Italy. Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases. [Internet] 2021 [Consultado 02 Mar 2022]; 77 (101672) Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0147957121000643>

110. Shimizu Yumiko, Murato Yoshinori, Sawi Kotaro, autores. Epidemiological analysis of classical swine fever in wild boars in Japan. BMC Veterinary Research. [Internet] 2021 [Consultado 12 Mar 2022]; 17 (188) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-021-02891-0>

111. Spancerniene Ugne, Grigas Juozas, Buitkuvieni Jurate, autores. Prevalence and phylogenetic analysis of hepatitis E virus in pigs, wild boars, roe deer, red deer and moose in Lithuania. Acta Vet Scand. [Internet] 2018 [Consultado 13 Feb 2022]; 60 (13) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-018-0367-7>

112. Stankevicius Arunas, Buitkuvieni Jurate, Sutkiene Virginija, autores. Detection and molecular characterization of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Lithuanian wild boar populations. Acta Vet Scand. [Internet] 2016 [Consultado 14 Feb 2022]; 58 (51) Disponible en: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-016-0232-5>

113. Taghipour Ali, Bahadory Saeed, Khazaei Sasan, Zaki Leila, autores. Global prevalence, subtypes distribution, zoonotic potential, and associated risk factors of Blastocystis sp. in domestic pigs (*Sus domesticus*) and wild boars (*Sus scrofa*): A systematic review and meta-analysis. Veterinary Medicine and Science. [Internet] 2022 [Consultado 02 Sep 2022]; 8 (3) Disponible en: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/vms3.751>

114. Takahashi Kazuaki, Kitajima Naoto, Abe Natsumi, autores. Complete or near-complete nucleotide sequences of hepatitis E virus genome recovered from a wild boar, a deer, and four patients who ate the deer. *Virology*. [Internet] 2004 [Consultado 30 Sep 2022]; 330 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15567444/>
115. Thomas Jobin, Infantes-Lorenzo Jose A, Moreno Inmaculada, autores. Validation of a new serological assay for the identification of *Mycobacterium tuberculosis* complex-specific antibodies in pigs and wild boar. *Preventive Veterinary Medicine*. [Internet] 2019 [Consultado 22 Sep 2022]; 1 (162) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30621888/>
116. Turiac Iulia Adelina, Giovanna Capelli María, Olivieri Rita, autores. Trichinellosis outbreak due to wild boar meat consumption in southern Italy. *Parasites & Vectors*. [Internet] 2017 [Consultado 12 Mar 2022]; 10 (107) Disponible en: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-017-2052-5>
117. Uni S., Bain O, Miyashita M, autores. *Onchocerca dewittei japonica* n. subsp., a common parasite from wild boar in Kyushu Island, Japan. *Parasite Journal* [Internet] 2001 [Consultado 02 Sep 2022]; 8 (3) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11584751/>
118. University of Edinburgh Roslin Institute. Pig's genetic code altered to tackle African swine fever. University of Edinburgh Roslin Institute. [Internet] 2016 [Consultado 06 Feb 2022]; Disponible en: <https://www.nationalhogfarmer.com/health/pig-s-genetic-code-altered-tackle-african-swine-fever>
119. Van Tulden Peter, L. Gonzales José, Kroese Michiel, autores. Monitoring results of wild boar (*Sus scrofa*) in The Netherlands: analyses of serological results and the first identification of *Brucella suis* biovar 2. *Infect Ecol Epidemiol*. [Internet] 2020 [Consultado 17 Feb 2022]; 10 (1) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7595143/>
120. Vanden Bergh Philippe GAC, LM Zecchinon Laurent, Fett Thomas, JM Desmecht Daniel. The wild boar (*Sus scrofa*) Lymphocyte function-associated antigen-1 (CD11a/CD18) receptor: cDNA sequencing, structure analysis and comparison with homologues. *BMC Veterinary Research* [Internet] 2007 [Consultado 27 Sep 2022]; 3 (27) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17937788/>
121. Varela Castro Lucía, Alvares Vega, Sevilla A. Iker. Risk factors associated to a high *Mycobacterium tuberculosis* complex seroprevalence in wild boar (*Sus scrofa*) from a low bovine tuberculosis prevalence area. *Plos One*. [Internet] 2020 [Consultado 17 Feb 2022]; 15 (4) Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7164644/>
122. Vengust Gorazt, Valencak Zdravkok, Bidovec Andrej. Presence of antibodies against Aujeszky's disease virus in wild boar (*Sus scrofa*) in Slovenia. *Journal of Wildlife Diseases*.

[Internet] 2005 [Consultado 12 Sep 2022]; 41 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16456172/>

123. Vicente Joaquín, Höfle Ursula, M. Garrido Joseba, autores. Wild boar and red deer display high prevalences of tuberculosis-like lesions in Spain. *Veterinary Research*. [Internet] 2006 [Consultado 20 Sep 2022]; 37 (1) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16336928/>

124. Vicente Joaquín, Segales Joaquim, Höfle Ursula, autores. Epidemiological study on porcine circovirus type 2 (PCV2) infection in the European wild boar (*Sus scrofa*). *Veterinary Research*, [Internet] 2004 [Consultado 27 Sep 2022]; 35 (2) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15099500/>

125. Wu Natacha, Abril Carlos, Thomann Andreas, autores. Risk factors for contacts between wild boar and outdoor pigs in Switzerland and investigations on potential *Brucella suis* spill-over. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2012 [Consultado 14 Feb 2022]; 8 (116) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/1746-6148-8-116>

126. Wu Natacha, Abril Carlos, Hinic Vladiminira. Free-ranging wild boar: a disease threat to domestic pigs in Switzerland?. *Bio One*. [Internet]. 2011 [Consultado 07 Feb 2022]; 47 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22102657/>

127. Yang Anni, Schlichting Peter, Wight Bethany, autores. Effects of social structure and management on risk of disease establishment in wild pigs. *Journal of Animal Ecology*. [Internet]. 2020 [Consultado 26 Ene 2022]; 90 (4) Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33340089/>

128. Young Jeong Hye, In Lim Seong, Jo Kim Jae, autores. Serological prevalence of viral agents that induce reproductive failure in South Korean wild boar. *BMC Veterinary Research*. [Internet] 2015 [Consultado 15 Feb 2022]; 11 (78) Disponible en: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-015-0396-7>

Cuadros y Figuras

129. Feral swine bomb: the battle against an invasive species [Internet]. 2022 [citado 12 enero 2023]. Disponible en: <https://globalnews.ca/news/8670818/feral-swine-bomb-the-battle-against-an-invasive-species/>

130.

131. El número de casos de lesiones de jabalíes y molestias a los residentes ha aumentado en los últimos años, lo que la convierte en la amenaza de vida silvestre más grave de Hong Kong. [Internet]. 2021 [citado 12 enero 2022]. Disponible en: <https://eastweek.my-magazine.me/main/107627>

132. Invasive feral swine originated from a combination of European feral pigs and domesticated stock. [Internet]. 2020 [citado 13 enero 2022]. Disponible en:

<https://molecularecologyblog.com/2020/05/02/interview-with-the-authors-how-does-invasiveness-evolve-a-look-at-feral-pigs/>

133. Western Australian Feral Pig Strategy 2020-2025 [Internet]. 2019 [citado 13 enero 2023]. Disponible en: <https://www.agric.wa.gov.au/feral-pig-strategy>