



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO

ESCUELA DE POSGRADO

**DOCTORADO EN CIENCIA, TECNOLOGÍA Y MEDIO
AMBIENTE**



TESIS

**SEROPREVALENCIA EN CRIANZA MIXTA DE BOVINOS, OVINOS Y
ALPACAS, PORTADORES E IDENTIFICACIÓN DEL GENOTIPO DEL
VIRUS DE LA DIARREA VIRAL BOVINA EN TRES COMUNIDADES DEL
DISTRITO DE SANTO TOMAS - CUSCO**

PRESENTADA POR:

EDGAR ALBERTO VALDEZ GUTIÉRREZ

PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:

DOCTOR EN CIENCIA, TECNOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE

PUNO, PERÚ

2022



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO

ESCUELA DE POSGRADO

DOCTORADO EN CIENCIA, TECNOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE

TESIS

**SEROPREVALENCIA EN CRIANZA MIXTA DE BOVINOS, OVINOS Y
ALPACAS, PORTADORES E IDENTIFICACIÓN DEL GENOTIPO DEL
VIRUS DE LA DIARREA VIRAL BOVINA EN TRES COMUNIDADES DEL
DISTRITO DE SANTO TOMAS – CUSCO**



PRESENTADA POR:

EDGAR ALBERTO VALDEZ GUTIÉRREZ

PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:

DOCTOR EN CIENCIA, TECNOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE

APROBADA POR EL JURADO SIGUIENTE:

PRESIDENTE

Dr. ELÍSEO PELAGIO FERNÁNDEZ RUELAS

PRIMER MIEMBRO

Dr. CIRO MARINO TRAVERSO ARGUEDAS

SEGUNDO MIEMBRO

Dr. NATALIO LUQUE MAMANI

ASESOR DE TESIS

Dr. JULIO MÁLAGA APAZA

Puno, 07 de enero de 2022

ÁREA : Ciencias naturales.

TEMA : Seroprevalencia en crianza mixta de bovinos, ovinos y alpacas portadores e identificación del genotipo del virus de la diarrea viral bovina en tres comunidades del distrito de Santo Tomas Cusco.

LÍNEA: Ciencia y producción animal.





DEDICATORIA

A Dios por darme la oportunidad de vivir junto a él, porque siempre me acompaña y no me abandona, toda mi gratitud señor mío.

A mi querida mamita Rosa Gutiérrez de Valdez por su insistencia a que culmine lo que me había trazado y a mi papito Jorge Valdez Chamorro a quien lo recuerdo siempre, aunque ya no está con nosotros, pero lo llevo en mi corazón.

A mi esposa Pochita y a mis hijos que Dios me dio: Miguel, Gabriel y Raphael por ser la razón de mi vida.

A mis hermanos David, Marlene, Alfredo, Luz Marina, Oscar y a mi hermano Huguito que en paz descansa, que el señor lo tenga en su reino y a todos mis sobrinos.



AGRADECIMIENTOS

- A la Escuela del Doctorado de Ciencia, Tecnología y Medio Ambiente. por brindarme la oportunidad de conformar su familia académica logrando obtener un grado de esta profesión notable y digna.
- Mi eterna gratitud a todos mis docentes del Doctorado de Ciencia, Tecnología y Medio Ambiente por sus valiosas enseñanzas impartidas durante mi formación profesional.
- Mi especial gratitud al Dr. Julio Málaga Apaza por su inapreciable apoyo en asesoramiento y constante interés en la ejecución del presente trabajo de investigación.
- Mi agradecimiento a mis compañeros de estudio quienes me supieron brindar su amistad.
- Ante todo, agradezco grandemente a Dios por su amor, sabiduría y la fortaleza que día a día me regala para seguir adelante.



ÍNDICE GENERAL

	Pág.
DEDICATORIA	i
AGRADECIMIENTOS	ii
ÍNDICE GENERAL	iii
ÍNDICE DE TABLAS	viii
ÍNDICE DE FIGURAS	xi
ÍNDICE DE ANEXOS	xii
RESUMEN	xiii
ABSTRACT	xiv
INTRODUCCIÓN	1

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

1.1. Marco teórico	3
1.1.1. Descripción de la enfermedad de la diarrea viral bovina	3
1.1.2. Agente causal	3
1.1.3. Signos clínicos	5
1.1.4. Infección aguda	6
1.1.5. Infección intrauterina	7
1.1.6. Infección persistente	7
1.1.7. Enfermedad de las mucosas	8
1.1.8. Transmisión	8
1.1.9. Diagnóstico	9



1.1.10. Prevención y control	10
1.2. Antecedentes	11
1.2.1. Prevalencias bovinos	11
1.2.2. Prevalencias en ovino	15
1.2.3. Prevalencias alpacas	18
1.2.4. Prevalencias alpaca, bovinos y ovinos	20
1.2.5. Persistentemente infectado al vDVB (PI)	22
1.2.6. Genotipo del vDVB	24

CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1. Identificación del problema	29
2.2. Enunciados del problema	30
2.3. Justificación	31
2.4. Objetivos	33
2.4.1. Objetivo general	33
2.4.2. Objetivos específicos	33
2.5. Hipótesis	34
2.5.1. Hipótesis general	34
2.5.2. Hipótesis específicas	34

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de estudio	35
3.1.1. Ubicación	35



3.1.2.	Ubicación política	35
3.1.3.	Ubicación geográfica	36
3.1.4.	Datos climáticos	36
3.1.4.1.	Clima	36
3.1.4.2.	Precipitación	36
3.2.	Población	37
3.3.	Muestra	37
3.3.1.	Determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina	37
3.3.2.	Determinar la seroprevalencia de los vacunos edad y sexo, persistentemente infectados (PI) que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas	39
3.3.3.	Identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina en los vacunos, ovinos y alpacas en los rebaños de crianza mixta	39
3.4.	Método de investigación	39
3.5.	Descripción detallada de métodos por objetivos específicos	40
3.5.1.	Determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina clase y sexo en vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta	40
3.5.2.	Determinar la seroprevalencia de los vacunos en clase y sexo, portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas	40
3.5.3.	Identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en las diferentes edades y sexo de los vacunos, ovino y alpacas de los rebaños de crianza mixta	41
3.5.3.1.	Metodología extracción de ácidos nucleicos RNA	41



3.5.3.2. Metodología por PCR-TR para identificar al biotipo del virus de la DVB	43
3.5.3.3. Especificaciones técnicas de la prueba	45
3.5.3.4. La Prevalencia (P) de animales positivos a anticuerpos contra el vDVB se obtendrá mediante la fórmula (Pita <i>et al.</i> , 2004)	45
3.5.3.5. El intervalo de confianza al 95% se obtendrá por formula de	45
3.5.4. Estadísticas por objetivos específicos	46
3.5.4.1. Seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en edad y sexo en los vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta	46
3.5.4.2. Seroprevalencia de los vacunos en edad y sexo, portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas	46
3.5.4.3. Genotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en las diferentes edades y sexo de los vacunos, ovino y alpacas de los rebaños de crianza mixta	47

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco	48
4.2. Seroprevalencia en vacunos según clase y edad, como portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños de la crianza mixta	60



4.3. El genotipo del virus de la diarrea viral bovina en vacunos, ovino y alpacas de crianza mixta según clase y edad del distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco	64
CONCLUSIONES	72
RECOMENDACIONES	73
BIBLIOGRAFÍA	74
ANEXOS	90

ÍNDICE DE TABLAS

	Pág.
1. Pruebas disponibles para el diagnóstico de la diarrea viral bovina y su propósito	9
2. Pruebas disponibles para el diagnóstico de la diarrea viral bovina y su propósito	10
3. Tamaño de muestra de ganado por comunidad	37
4. Tamaño de muestra de vacuno por clase/comunidad	38
5. Tamaño de muestra de ovinos por clase/comunidad	38
6. Tamaño de muestra de alpacas por clase/comunidad	38
7. Kit de extracción de ácidos nucleicos totales	42
8. Solución para la amplificación del RNA del vDVB	44
9. Tiempo y temperatura para la amplificación del RNA del vDVB	45
10. Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en vacunos según clase y edad	48
11. Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en ovinos según clase y edad	52
12. Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en alpacas según clase y edad	56
13. Seroprevalencia de anticuerpos contra el vDVB en crianza mixta de tres especies según comunidad	59
14. Seroprevalencia de vacunos persistentemente infectados (PI), en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas	60
15. VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo	91



16.	VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhucchuyo - Santo Tomas Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo	93
17.	VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad Anchayaque – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo	95
18.	OVINO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre - San Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo	97
19.	OVINO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhuacchuyo – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo	99
20.	OVINO: Seropositivo a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad Anchayaque - San Tomas - Chumbivilcas - Cusco, 1er Objetivo	101
21.	ALPACAS: Seropositivos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo	103
22.	ALPACAS: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhuacchuyo - Santo Tomas - Cusco. 1er Objetivo	104
23.	ALPACAS: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Anchayaque - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo	105
24.	VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígenos (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad de VISTA ALEGRE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo	106



25. VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad de VISTA ALEGRE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo 106
26. VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígeno (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad de ALLHUACCHUYO - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 2do Objetivo 107
27. VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad de ALLHUACCHUYO – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo 108
28. VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígenos (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad ANCHAYAQUE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo 108
29. VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad ANCHAYAQUE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo 109

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
1. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en cuatro muestras de suero de bovinos persistentemente infectados (PI)	64
2. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en cuatro muestras de suero de bovinos persistentemente infectados (PI)	65
3. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en seis muestras de suero de ovino con problemas reproductivos	67
4. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en seis muestras de suero de ovino con problemas reproductivos	68
5. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en cinco muestras de suero de alpaca con problemas reproductivos	69
6. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en cinco muestras de suero de alpaca con problemas reproductivos	70
7. Equipos de serología y Kit para detectar anticuerpos y antígenos de vDVB ELISA, Laboratorio de Sanidad Animal	110
8. Procesamiento del protocolo. y lectura de resultados serológicos, DO 450nm	111
9. Equipos moleculares y Kit de extracción de ácido nucleico y detección del genotipo VDVB 1 y VDVB 2, Laboratorio de Sanidad Animal	112
10. Lectura de la amplificación del genotipo VDVB 1 y VDVB 2, Laboratorio de Sanidad Animal	113



ÍNDICE DE ANEXOS

	Pág.
1. Tablas	91
2. Panel fotográfico	110

RESUMEN

El objetivo fue determinar la seroprevalencia en crianza mixta de bovinos, ovinos, alpacas, de los vacunos persistentemente infectados (PI), e identificar al genotipo del virus de la diarrea viral bovina (vDVB) de tres comunidades del distrito de Santo Tomas-Cusco. Se recolectaron muestras sanguíneas, 255 de bovinos, 272 de ovinos, 148 de alpacas por clase y edad. Mediante la prueba de ELISA y PCR-TR, los resultados mostraron anticuerpos contra el vDVB en bovinos en las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque en 78.26 ± 8.42 (72/92), 46.15 ± 11.06 (36/78) y 75.29 ± 9.20 % (64/85) respectivamente. Ovinos en las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque fue de 4.35 ± 4.14 (4/92), 3.26 ± 3.40 (3/92) y 1.25 ± 2.00 % (1/88) respectivamente y en alpacas en las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque fue de 9.8 ± 2.74 (5/51), 4.08 ± 5.48 (2/49), y 6.25 ± 6.71 % (3/48) respectivamente. La seroprevalencia de los PI al vDVB en bovinos en las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque fue de 2.17 ± 2.86 (2/92), 1.28 ± 2.20 (1/78) y 1.18 ± 2.11 % (1/85) respectivamente. Al análisis por PCR-TR de los cuatro seropositivos a PI de los bovinos muestran amplificación de un producto específico al genotipo 1 (BVDV-1), con valores Ct (ciclo umbral) de 15.00, 16.00, 15.00 y 16.00 por muestra. Se concluye, en las tres comunidades de crianza mixta está presente el vDVB, por presentar anticuerpos contra vDVB, existen vacunos PI con el genotipo 1 (DVB-1).

Palabras clave: Anticuerpo, antígeno, comunidad, diarrea viral bovina y genotipo.

ABSTRACT

The objective was to determine the seroprevalence in mixed rearing of cattle, sheep, alpacas, to identify persistently infected (PI) in cattle, and the genotype of the bovine viral diarrhoea virus (BVDV) of three communities, district of Santo Tomas-Cusco. Blood samples were collected, 255 from bovines, 272 from sheep, 148 from alpacas by age groups and sex and analyzed through the ELISA and TR-PCR test. The results showed antibodies against BVDV in cattle in the Vista Alegre, Allhuacchuyo and Anchayaque communities in 78.26 ± 8.42 (72/92), 46.15 ± 11.06 (36/78) and 75.29 ± 9.20 (64/85) % respectively. Sheep in the Vista Alegre, Allhuacchuyo and Anchayaque communities in 4.35 ± 4.14 (4/92), 3.26 ± 3.40 (3/92) and 1.25 ± 2.00 (1/88) % respectively. Alpacas in the Vista Alegre, Allhuacchuyo and Anchayaque communities at 9.8 ± 2.74 (5/51), 4.08 ± 5.48 (2/49), and 6.25 ± 6.71 (3/48) % respectively. The seroprevalence of PI to vDVB in cattle in the Vista Alegre, Allhuacchuyo and Anchayaque communities was 2.17 ± 2.86 (2/92), 1.28 ± 2.20 (1/78) and 1.18 ± 2.11 (1/85) % respectively. To The analysis for PCR-TR of the four seropositive to PI bovines show amplification of a specific product to genotype 1 (BVDV-1), with Ct values (threshold cycle) of 15.00, 16.00, 15.00 and 16.00 per sample. It is concluded that, in the three mixed breeding communities vDVB is present, due to the presence of antibodies against vDVB, there are PI cattle with genotype 1 (DVB-1),

Keywords: Antibody, antigen, bovine viral diarrhoea, community and genotype.

INTRODUCCIÓN

La actividad ganadera es de fundamental importancia para el área rural y la seguridad alimentaria del país. Genera empleo e ingreso a 1.8 millones de familias, que equivalen a 7.6 millones de personas. La actividad avícola es (7.6%), con moderado crecimiento en porcinos (3.4%), vacunos (3.2%) y alpacas (2.9%); un limitado crecimiento en llamas (0.6%), y una tasa negativa en ovinos (-0.2%) y caprinos (-1.3%). El crecimiento en la actividad avícola y porcina se debe, a su buen nivel tecnológico y producción a gran escala; que contrastan con los sistemas de crianza de las otras especies; donde los productores son principalmente pequeños y medianos, con bajo nivel tecnológico y limitado acceso a servicios ganaderos (MINAGRI, 2017).

El vDVB un patógeno limitante de la producción de ganado en todo el mundo (Chernick & Van, 2017). Conocido por causar una variedad de síndromes patológicos en el ganado, que incluyen enfermedad gastrointestinal, insuficiencia reproductiva, inmunosupresión, enfermedad de las mucosas y síndrome hemorrágico (Danielle *et al.*, 2016), a veces termina causando la muerte del animal (OIE, 2018).

El agente etiológico que produce estas patologías es del Género *Pestivirus* de la familia *Flaviviridae*, se clasifica en dos especies reconocidas genotípicamente BVDV-1 y BVDV-2 de biotipos citopáticos (CP) y no citopáticos (NCP), apareciendo otro tercer virus BVDV-3 (emergente HoBi-like) en productos FBS (Giammarioli *et al.*, 2015; Weber *et al.*, 2017; Bielefeldt & Ohmann, 2020), infectan a la mayoría de las especies de rumiantes y a especies distintas (Evans & Reichel, 2021), incluido los Camélidos sudamericanos y pueden infectar a ganado de cualquier edad (OIE, 2018). Asumimos que los vacunos, ovinos y las alpacas son sensibles al vDVB y que presentan las distintas patologías en estas especies.

El vDVB son posiblemente el patógeno viral más importante de los rumiantes en todo el mundo y pueden causar graves pérdidas económicas (Richter *et al.*, 2017; Iotti *et al.*, 2019), ya sea directamente a través de la disminución del rendimiento productivo en los rebaños de ganado o indirectamente, como a través de los gastos de los programas de control (Piniór *et al.*, 2017), básicamente a trastornos reproductivos (Damman *et al.*, 2015); Se clasifica como la segunda enfermedad económicamente más significativa que afecta al ganado, y tiene una alta prevalencia y está diseminada por las industrias de la carne de vacuno y lácteos (Reichel *et al.*, 2018).



Las pérdidas económicas directas debido a un brote de vDVB en Nueva Zelanda es de \$ 22,22 y de \$ 41,19 por vaca de edad mixta por año para una granja lechera y de carne sin experiencia, respectivamente (Han *et al.*, 2020).

Para el control de las infecciones por vDVB se basa en la reducción de la exposición mediante un programa de control obligatorio con detección y eliminación de animales infectados persistentemente (Wernike *et al.*, 2017).

El objetivo de este estudio fue conocer la seroprevalencia en crianza mixta de bovinos, ovinos y alpacas, a los PI en los vacunos y al genotipo del virus de la diarrea viral bovina en las tres comunidades que tienen crianza mixta en el distrito de Santo Tomas – Cusco.

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

1.1. Marco teórico

1.1.1. Descripción de la enfermedad de la diarrea viral bovina

La diarrea viral bovina (BVD) es una infección viral que fue reportada hace más de 60 años. Es una enfermedad de distribución mundial y se le clasifica como la segunda enfermedad económicamente más significativa que afecta al ganado que tiene una alta prevalencia y está diseminada por las industrias de la carne de vacuno y lácteos (Reichel *et al.*, 2018). La infección por el vDVB da lugar a gran variedad de signos clínicos, como entéricos, respiratorios, reproductivos en cualquier tipo de ganado, y fetales tras la infección de hembras reproductoras susceptibles. Puede ser una enfermedad subclínica o extenderse hasta convertirse en un proceso grave que termina causando la muerte del animal. (Odeon & Pasquale, 2016; OIE, 2018), este virus puede establecer una infección persistente (IP) en los terneros después de la infección fetal, lo que hace que sean portadores y reservorios primarios de vDVB positivos que transmitirán constantemente el virus a los animales sanos y recién nacidos (Quintero *et al.*, 2019).

1.1.2. Agente causal

El virus de la DVB pertenece al género *Pestivirus* dentro de la familia *Flaviviridae*, son virus envueltos, esféricos y miden de 40 a 60 nm de diámetro, compactado por una cápside proteica, rodeada por una membrana fosfolipídica con tres glicoproteínas ancladas a ella (Lértora, 2003b; Bielefeldt, 2020). La partícula viral está constituida por una molécula de ácido ribonucleico (ARN), se

componen de una cadena simple de ARN, de polaridad positiva, y nucleocápside no helicoidal de simetría icosaédrica es un virus monocatenario de la familia *Flaviviridae* que causa una forma de infección persistente (Ridpath, 2010; Chernick *et al.*, 2018). Su genoma consta de 4400 nucleótidos con un peso molecular de 12.0 a 12.5 Kilodáltons (Giangaspero *et al.*, 2018). comprende cuatro virus de impacto económico muy significativo para las industrias del ganado vacuno, porcino y ovino en todo el mundo: virus de la diarrea viral bovina (BVDV) tipo 1 y tipo 2, peste porcina clásica virus (CSFV) y virus de la enfermedad fronteriza (Bielefeldt, 2020), y un quinto virus HoBi es un grupo atípico dentro del género *Pestivirus* que está implicado en pérdidas económicas para los productores de ganado debido a infecciones tanto agudas como persistentes (Weber *et al.*, 2017), recientemente, se han detectado varios virus nuevos en animales salvajes y domésticos mediante estudios de aislamiento y / o viroma, y que parecen estar relacionados con los *Pestivirus* y calificar como nuevas especies de *Pestivirus* (Bielefeldt-Ohmann, 2020).

La comparación genómica de los virus de DVB ha dado como resultado el reconocimiento de dos genotipos, DVB -1 y DVB -2. El genotipo 1, (vDVB-1) actualmente puede ser dividido en 13 sub genotipos. De todos éstos, los más comúnmente aislados son los vDVB – 1b, siendo más prevalente en EE UU y ampliamente distribuido en el mundo (Anziliero; *et al*, 2015; Wernike & Beer, 2017), siendo cepas para pruebas de diagnóstico, investigación y elaboración de vacunas (Wernike *et al.*, 2017; Chernick *et al.*, 2018).

El Genotipo 2. (vDVB-2) se han agrupado en 4 sub genotipos más comúnmente vDVB-2a y vDVB-2b (De Oliveira *et al.*, 2021). Este genotipo ha sido aislado de cepas virales procedentes de animales PI y una enfermedad aguda hemorrágica fatal en EE UU y Canadá conocida como Síndrome Hemorrágico. El vDVB -2 fue primero identificado en los noventa (1990) en Norteamérica y ha sido esporádicamente detectada en otros países tales como Japón, Alemania, Bélgica, Brasil, Argentina y Chile. Adicionalmente, en cada uno de estos genotipos hay dos biotipos: uno conocido como citopático y otro como no citopático. un virus citopático es aquel que causa daños a la célula donde se replica, el biotipo CP se aísla únicamente de animales con enfermedad de la mucosa y se originan por mutación a partir del biotipo NCP; ya sea por depleción de fragmentos del genoma

viral, inserción de fragmentos de ARN celular o duplicación y reordenamiento del ARN viral. El biotipo CP es diferente al NCP porque posee, además de la proteína no estructural NS2-3/p125, la proteína NS3/p80, la cual confiere el fenotipo citopático al virus (Craig *et al.*, 2015; Yeşilbağ *et al.*, 2017), el biotipo NCP es la forma original del virus, no ocasiona cambios visibles en el cultivo celular y la célula infectada parece normal. Sin embargo, esto no implica que los biotipos NCP sean no patogénicos. Por el contrario, es el biotipo predominante en la naturaleza, aislado de la mayoría de las formas clínicas y el único capaz de originar infección persistente y que circulan en el campo mayormente (Lértora, 2003b; Quintana *et al.*, 2018). Este biotipo es considerado el más importante porque al infectar vacas gestantes durante el primer tercio de la gestación, cuando el sistema inmune del feto es inmaduro, puede dar lugar al nacimiento de animales inmunotolerantes al virus y con infección persistente (PI); estos animales PI emiten grandes cantidades de vDVB durante toda su vida y sirven como una fuente efectiva de transmisión viral a otros bovinos tanto como a otras especies (Ridpath *et al.*, 2015; Chernick *et al.*, 2018).

1.1.3. Signos clínicos

Una de las características más importantes de este virus es su alta frecuencia de mutación y la tendencia a la recombinación, lo que ha llevado a que tenga una gran diversidad genética y antigénica; problema que se ve reflejado en las múltiples manifestaciones clínicas observadas en los animales afectados y en el difícil control de la enfermedad (Vargas *et al.*, 2009; Yeşilbağ *et al.*, 2017), dentro del mismo género ha sido reportado en numerosos aislamientos al virus HoBi en Brasil, Italia y algunos países asiáticos. Este patógeno ha generado preocupación en veterinarios y productores de bovinos y bubalinos al haber estado involucrado en eventos de cuadros respiratorios severos, abortos y animales persistentemente infectados. Es fundamental la participación en actividades de investigación interdisciplinarias para aclarar aspectos básicos de la epidemiología de estos nuevos patógenos y de su posible impacto en los sistemas productivos de los países de Sudamérica (Pecora *et al.*, 2016).

1.1.4. Infección aguda

En este síndrome el término agudo se refiere a que la infección viral se presenta por primera vez. Comúnmente estos animales son contagiados por animales ya infectados que se encuentran aparentemente sanos, a los que se les designa animales persistentemente infectados (PI). En este caso, la infección se presenta en forma subclínica o clínica en un nivel de poca gravedad, al grado que resulta muy difícil detectar. Por lo general, en algunos animales recién infectados se presenta con signos graves de neumonía (Ramírez *et al.*, 2012; Fernandez *et al.*, 2014).

Este virus afecta los sistemas digestivo, respiratorio, reproductivo e inmunológico, por lo que se le ha denominado “enfermedad de las mil caras”. La enfermedad se puede presentar con infecciones inaparentes, infecciones respiratorias, infecciones del tracto digestivo, síndrome hemorrágico, enfermedad de las mucosas e infecciones del tracto reproductivo y fetal (Berríos, 2015).

Por otro lado, existen algunas cepas de alta patogenicidad pertenecientes al genotipo 2 del vDVB, que pueden producir infecciones agudas graves, con altas tasas de mortalidad, caracterizadas por signos tales como: hipertermia elevada, diarrea profusa, alta incidencia de abortos, reducciones significativas en la producción de leche y cuadros de muerte súbita. Existe también otro cuadro grave de enfermedad asociado a este genotipo del vDVB, denominado Síndrome Hemorrágico, que se caracteriza por la presencia de hemorragias en múltiples órganos, diarrea sanguinolenta, epistaxis, anemia, leucopenia y trombocitopenia y alta tasas de mortalidad, existiendo estos casos de mayor gravedad clínica. La mayoría de las presentaciones por vDVB a nivel de los rodeos es de alta morbilidad y baja mortalidad. se observan abortos, muerte embrionaria, cuadros gastrointestinales con o sin hemorragias o cuadros respiratorios incluyendo neumonía. Asimismo, hay que prestar especial atención a la convivencia de los bovinos con otras especies animales, como ovejas, cabras, ciervos, búfalos, cerdos, etc., que pueden ser reservorios de vDVB en particular y de otros *Pestivirus* (Pecora & Perez, 2017).

1.1.5. Infección intrauterina

Es causada por una infección por el vDVB y de curso agudo cuando el animal está en gestación que a su vez infecta a su cría; este proceso puede ocasionar el aborto, mortinatos o que la cría nazca con malformaciones. Existen focos de infección que no manifiestan la presencia de esta enfermedad durante el desarrollo y vida productiva, y que tampoco pueden ser diagnosticados serológica y clínicamente, o el nacimiento infectado persistentemente (Lanyon *et al.*, 2014; Evans *et al.*, 2017).

1.1.6. Infección persistente

Es la consecuencia de una infección contraída en forma aguda y por la infección intrauterina; en este síndrome están considerados los animales persistentemente infectados. Es la que provoca el desarrollo de la enfermedad de las mucosas. Si un feto se infecta en el útero durante los primeros 120 días de gestación, el ternero resultante será inmunotolerante a la cepa infectante y mantendrá el virus de por vida. Estos animales son epidemiológicamente importantes para mantener el vDVB en las granjas (Chernick *et al.*, 2018; Iotti *et al.*, 2019). Este *Pestivirus* puede cruzar la barrera placentaria de hospederos diferentes e invadir el feto y generar una infección persistente que continúa durante la vida postnatal, clínicamente inaparente, excretando el virus e infectando a otras especies (Giangaspero *et al.*, 2018).

Una característica fundamental del vDVB es la capacidad de generar animales persistentemente infectados (PI). Estos animales se generan cuando las hembras preñadas se infectan con el vDVB entre los días 30 y 150 días de gestación. Estos terneros nacen inmunotolerantes al vDVB, sin signología aparente, pudiendo pasar inadvertidos a simple vista, pero en realidad estarán excretando el virus permanentemente a través de todos los fluidos corporales (orina, mucosidades, saliva, leche, semen y materia fecal). Si bien la literatura reporta que el 80 % de los animales PI no supera los dos años de vida, considerando que está reportado que estos animales eliminan entre 1 y 10 millones de partículas virales infecciosas por mililitro de fluido corporal por día, y sabiendo que se estima que solo se requieren 10 partículas para infectar a otro animal, es indiscutible la eficacia de estos animales en perpetuar la infección en los rebaños (Pecora, 2017). Tiene un

impacto notablemente negativo en la economía, a través de la reducción de la producción de leche, los abortos y una vida más corta de los animales infectados. Las vacas que se han infectado durante la gestación que han parido terneros Persistentemente Infectados (PI), que son altamente infecciosos durante toda su vida debido a la falta de respuesta inmunitaria al virus, son la clave de la persistencia de la enfermedad tanto a nivel de rebaño como a nivel nacional, por los movimientos de los PI impulsados por el comercio, o vacas en gestación que portan PI, que son los responsables de la dispersión espacial del vDVB (Iotti *et al.*, 2019).

1.1.7. Enfermedad de las mucosas

Afecta a los terneros y becerros de destete, se caracteriza porque forma úlceras en las mucosas de las fosas nasales y boca, provocando catarro nasal y babeo. Las úlceras en el tracto digestivo provocan diarrea acuosa; a nivel de menudillo las lesiones causan claudicaciones que conducen a fiebre, decaimiento, inapetencia y finalmente la muerte. Los terneros y los becerros de destete son responsables del contagio al resto del hato al estar persistentemente infectados (Fernández *et al.*, 2014). La inducción de la enfermedad letal de las mucosas (DM) en el ganado está relacionada con la generación de diarrea viral bovina citopatógena (CP) infectados persistentemente con un vDVB no citopatógeno. En la mayoría de los casos, las variantes del vDVB CP se generan por recombinación; estos animales PI son susceptibles de padecer un cuadro diarreico severo y fatal (Fricke *et al.*, 2001; Odeon & Pasquale, 2016).

1.1.8. Transmisión

La enfermedad se transmite principalmente por contacto directo por medio de las secreciones tales como la saliva, moco nasal, lágrimas y diarrea de los animales portadores (PI), enfermedad aguda y a través de la placenta de madres infectadas a su feto; también se puede transmitir a través de insectos y equipo contaminado con el virus. En los terneros después de la infección fetal siendo PI hace que sean portadores y reservorios primarios de vDVB que transmitirán constantemente el virus a los animales sanos, como también a los recién nacidos (Quintero *et al.*, 2019).

1.1.9. Diagnóstico

El método común de diagnóstico de la DVB es el serológico, que utiliza una muestra de suero sanguíneo analizado con la prueba de ELISA. También se puede diagnosticar mediante una prueba de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y NV (De La Cruz, 2013; OIE, 2018). La mejor forma de confirmar la infección aguda por el VDVB es la observación de seroconversión en muestras pareadas secuenciales, teóricamente de varios animales del grupo. Las muestras pareadas (tomadas en las fases aguda y de convalecencia) deben tomarse con un intervalo mínimo de 21 días y los análisis deben realizarse en paralelo empleando la misma prueba. Las más utilizadas son el enzimoimmunoanálisis y la prueba de neutralización del virus. Utilizando muestras de secreciones nasales, lágrimas, moco vaginal, moco prepucial y semen (Pecora & Perez, 2017). El resultado positivo de un animal es suficiente motivo para realizar la vacunación de todo el hato (Newcomer *et al.*, 2017).

Tabla 1

Pruebas disponibles para el diagnóstico de la diarrea viral bovina y su propósito

Método	Propósito					
	Demostrar ausencia de infección en la población	Demostrar ausencia de infección en animales individuales antes de los desplazamientos	Contribuir a las políticas de erradicación	Confirmar casos clínicos	Determinar la prevalencia de la infección – vigilancia	Determinar el estado inmunitario en animales o poblaciones tras la vacunación
	Identificación del agente ¹					
Aislamiento del virus	+	+++	++	+++	-	-
Detección de antígeno mediante ELISA	++	+++	+++	+++	+++	-
Detección de antígeno mediante IHC	-	-	-	++	-	-

1 Se recomienda utilizar varios métodos de detección del agente con la misma muestra clínica (OIE, 2018).

Tabla 2

Pruebas disponibles para el diagnóstico de la diarrea viral bovina y su propósito

Método	Propósito					
	Demostrar ausencia de infección en la población	Demostrar ausencia de infección en animales individuales antes de los desplazamientos	Contribuir a las políticas de erradicación	Confirmar casos clínicos	Determinar la prevalencia de la infección – vigilancia	Determinar el estado inmunitario en animales o poblaciones tras la vacunación
	Identificación del agente ¹					
Detección de ácido nucleico mediante RT-PCR en tiempo real	+++	+++	+++	+++	+++	-
ELISA	+	+++	++	-	+	+++
VN						

Clave: +++ = método recomendado; ++ = método idóneo; + = puede utilizarse en algunas situaciones, pero el coste, la fiabilidad y otros factores limitan mucho su aplicación; – = no adecuado para este propósito; n/a = no aplicable.

Aunque no todas las pruebas clasificadas como +++ o ++ han sido validadas formalmente, su uso sistemático y el hecho de que se hayan utilizado ampliamente sin resultados dudosos las hace aceptables.

ELISA = enzimoimmunoanálisis; IHC = inmunohistoquímica; RT-PCR = reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa; VN = neutralización del virus (OIE, 2018).

1.1.10. Prevención y control

Es importante adquirir animales con certificado de vacunación y evitar el contacto de los animales con otros ajenos, lo que frecuentemente sucede cuando se presta el corral y la báscula o en ferias y exposiciones ganaderas. Sin embargo, la medida de control adecuada es la vacunación con programas obligatorio y con la detección y eliminación de animales infectados persistentemente (Pecora *et al.*, 2015; Newcomer *et al.*, 2017; Wernike *et al.*, 2017).

1.2. Antecedentes

1.2.1. Prevalencias bovinos

Un metanálisis de efectos aleatorios para estimar las prevalencias mundiales del virus de la diarrea viral bovina (vDVB) de animales y rebaños infectados persistentemente (PI), virémicos (VI) y anticuerpos positivos (AB). El metanálisis cubrió 325 estudios en 73 países que determinaron la presencia o ausencia de infecciones por vDVB en ganado entre 1961 y 2016. En total, se analizaron 6,5 millones de animales y 310.548 rebaños para detectar infecciones por BVDV en la población bovina mundial. Las prevalencias de PI agrupadas en todo el mundo a nivel animal variaron: baja ($\leq 0,8\%$ en Europa, América del Norte, Australia), media ($> 0,8\%$ a $1,6\%$ en Asia oriental) a alta ($> 1,6\%$ en Asia occidental). Las prevalencias de PI y AB en Europa disminuyeron con el tiempo, mientras que la prevalencia de vDVB aumentó en América del Norte. Las prevalencias de IP combinadas medias más altas a nivel animal se identificaron en países que no habían implementado ningún programa de control y / o erradicación del vDVB (incluida la vacunación) (Scharnböck *et al.*, 2018).

En un estudio transversal entre diciembre de 2017 y julio de 2018 con el objetivo de estimar la prevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) e identificar los posibles factores de riesgo asociados a la aparición de la enfermedad en bovinos lecheros de zonas periurbanas. áreas de la ciudad de Gondar, noroeste de Etiopía. Un total de 339 muestras de suero obtenidas de ganado lechero seleccionado al azar mayores de 6 meses, se ensayaron usando un kit de ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas competitivas de anticuerpos vDVB (c-ELISA). Los resultados del estudio mostraron que la prevalencia de anticuerpos del vDVB a nivel animal en el área de estudio fue del 26,84% (IC del 95%: 22,1% - 31,6%) y la seroprevalencia a nivel de rebaño fue del 68,3% (IC del 95%: 56,2% - 80,4%) (Demil *et al.*, 2021).

El objetivo de este estudio preliminar fue determinar la prevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vDVB) y su asociación con problemas reproductivos en el ganado vacuno en Timika, Papua del Sur, Indonesia, un área emergente para la producción de carne. Se recogió suero de 77 bovinos de carne de cuatro aldeas y se analizó, utilizando kits de ELISA de anticuerpos. Los resultados mostraron que

la prevalencia de anticuerpos contra el vDVB en bovinos individuales en Timika fue del 11,7% (Nugroho *et al.*, 2020).

El objetivo del estudio fue determinar la frecuencia de DVB, en bovinos de doble propósito criados en diferentes regiones de Oaxaca- México. Se colectaron 2,691 muestras sanguíneas de 127 hatos de bovinos para el análisis serológico mediante ELISA indirecta. El 33,2% (IC: 95 31,4, 35,0%) de los animales presentaron anticuerpos contra el vDVB en los bovinos muestreados (Gutiérrez *et al.*, 2020).

El objetivo del presente estudio fue establecer la positividad a anticuerpos contra el virus de diarrea viral bovina (vDVB) en vacas del municipio de Tuta (Boyacá, Colombia), Se tomaron 374 muestras de sangre y mediante la prueba ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia del 41,7 % (González *et al.*, 2021).

Al determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en los distritos de Chumpi, Coracora y Pullo, región de Ayacucho, Se recolectaron 460 muestras de sangre de bovinos de ambos sexos y mayores de cuatro meses de comunidades campesinas con manejo extensivo. Las muestras de suero fueron analizadas mediante un kit comercial de ELISA indirecta. El $82.56 \pm 3.44\%$ (367/460) de los animales presentaron anticuerpos contra el vDVB, presentándose en Pullo la mayor prevalencia corregida ($89.74 \pm 2.75\%$; 83/96). La alta prevalencia corregida que se reporta evidencia una amplia distribución de la enfermedad (Arbulú & Morales, 2021).

Al determinar la dinámica de la seroconversión de diarrea viral bovina (DVB) así como la presencia de animales persistentemente infectados (PI) con el virus de DVB en fundos ganaderos de dos estaciones experimentales de la Universidad Nacional del Centro del Perú: Se utilizaron 111 bovinos Brown Swiss del establo de la EEA el Mantaro y 39 bovinos Holstein de la GA de Yauris, ambos ubicados en la sierra central, Región Junín, Perú. Los muestreos se hicieron en tres periodos del año considerando las estaciones de lluvias y de estiaje de 2016 para la EEA El Mantaro y 2017 para la GA Yauris. para detectar anticuerpos séricos contra vDVB, así como antígenos de DVB mediante la prueba de ELISA. La prevalencia promedio de DVB en la EEA El Mantaro fue 73.5%, la dinámica de seroconversión en el hato fue creciente en el tiempo, y la prevalencia de animales PI fue de 5.4%. Para la GA Yauris, la prevalencia promedio de DVB fue 16.67%,

la dinámica de seroconversión fue estable en el tiempo, y la prevalencia de animales PI fue 2.78% (Villar *et al.*, 2020).

Determinó la seroprevalencia de la diarrea viral bovina (DVB) en hatos lecheros de cuatro provincias que conforman el Valle del Mantaro, Región Junín, Perú, así como la presencia de animales persistentemente infectados, mediante la técnica de ELISA. Se tomaron 425 muestras de sangre de animales de 37 hatos. La prevalencia muestral de DVB para las cuatro provincias fue 66.3% y la prevalencia/hato de 64.8%. La provincia de Concepción registró la prevalencia maestral y por hato más altas (75.2 y 75.5%, respectivamente) y Huancayo presentó las más bajas (48.3 y 52.3%, respectivamente). La prevalencia de animales PI con DVB en las cuatro provincias fue de 5.8%. Existió asociación positiva entre altas prevalencias de DVB con la presencia de vacas repetidoras, abortos y nacimientos anómalos (Arauco & Lozano, 2018).

Determinó anticuerpos contra el virus de la diarrea viral (VDVB) en bovinos, según raza y edad, de cinco distritos de la provincia de Anta, Cusco. Se tomaron muestras de suero de bovinos hembras (n=1135) y machos (n=57) de 262 pequeños ganaderos y una comunidad ganadera. Las muestras se analizaron mediante la prueba de ELISA indirecta. El 50.8% de las hembras y 43.9% de los machos tuvieron anticuerpos contra el vDVB. Los porcentajes de bovinos hembras seropositivos en los distritos de Ancahuasi, Zurite, Anta, Cachimayo y Huarconco fueron de 58.6, 45.5, 63.9, 31.5 y 80%, respectivamente. Todos los ganaderos tuvieron al menos un animal seropositivo. Los anticuerpos contra el vDVB fueron más prevalentes en animales mayores a tres años (Valdez *et al.*, 2018).

En la Comunidad de Huisacollana del distrito de Yauri, provincia de Espinar – Cusco; con el objetivo de determinar la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown swiss, según estado productivo, sexo y clase animal, para este fin utilizó 119 animales por serología y mediante la prueba de Inmunoabsorción Ligada a Enzima (ELISA) obtuvo una seroprevalencia general de 58.8% (Huacasi, 2018).

Al evaluar la seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en la raza Brown swiss del distrito de Paucarcolla- Puno, de 91 muestras serológicas de

vacunos con el método de Elisa indirecta, obtuvo un 60.44 % de seroprevalencia general (Choquenaira, 2018).

Con el objetivo de determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra la diarrea viral bovina (BVD) en vacas de las razas Brown Swiss, Criollo, Charoláis y Aberdeen Angus, en el Centro de Investigación y Producción Chuquibambilla UNA – Puno, de 79 vacas y mediante la prueba de inmunoabsorción ligada a enzimas ELISA, obtuvo una seroprevalencia general de 44.3% (Yana, 2018).

Al determinar la seroprevalencia de la Diarrea viral bovina (vDVB) en el Centro de Investigación y Producción de Chuquibambilla (CIP) de la Universidad Nacional del Altiplano de Puno, se eligieron 90 bovinos hembras de las razas Brown Swiss, Charoláis y Aberdeen angus y mediante el método de ELISA; Los resultados muestran una seroprevalencia del vDVB en bovinos del CIP Chuquibambilla de $34,44 \pm 0,098$ % en general (Soto, 2018).

En el distrito de Vilque situada en la zona noroeste de la región de Puno, con el objetivo de determinar la seroprevalencia del virus de Diarrea Viral Bovina (vDVB) en 90 vacunos de la raza Brown Swiss y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 65.56% (59/90) (Huaylla, 2018).

En el distrito de Azángaro-Puno, el objetivo fue determinar la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown Swiss de 91 muestras sanguíneas procedentes de diferentes hatos lecheros y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 32.97 % (Paredes, 2018).

Determino la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en tres comunidades del distrito de Taraco, tomo muestras de sangre de 90 vacunos de la raza Brown Swiss y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 68.89% (Quispe, 2018).

(Alvarez, 2020) en el distrito de Pomata provincia de Chucuito - Puno; determino la seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina en vacunos de la raza Brown Swiss de 87 muestras de sangre y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 75.90% (66/87) (Alvarez, 2020).

Al determinar la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown Swiss ubicados en el distrito de Macari, provincia de Melgar, departamento de Puno, de un total de 85 muestras sanguíneas y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de fue de 42.35 % (Mamani, 2021).

La seroprevalencia del virus de la Rinotraqueitis Infecciosa Bovina (IBR) y del virus de la Diarrea Viral Bovina (vBVD) en vacunos Brown Swiss, de las cuencas lecheras de San Juan y Larimayo del Distrito de Antauta, Provincia de Melgar – Puno, de 180 muestras sanguíneas y mediante la prueba de Inmuno absorción Ligada a Enzima (ELISA), obtuvo una seroprevalencia general del vDVB de 52.22% (Turpo, 2021).

1.2.2. Prevalencias en ovino

Las ovejas se infectaron experimentalmente con NCP BVDV-2 en tres etapas diferentes de gestación. De las 19 ovejas infectadas a los 50-60 días de gestación, hubo una pérdida fetal del 77%. Los corderos que nacieron vivos fueron positivos para vDVB al nacer y fueron negativos para anticuerpos después de que los anticuerpos maternos disminuyeron, lo que confirma el estado de PI. De las ovejas infectadas a los 65-70 días de gestación, la pérdida por muerte fue del 66,6%, y los corderos vivos fueron virus negativos y anticuerpos positivos, lo que demuestra una respuesta inmune adecuada a la viremia en el útero. Las ovejas infectadas con vDVB a los 120-125 días de gestación dieron a luz un cordero sano con virus negativo y anticuerpos positivos (Danielle *et al.*, 2016).

En un estudio entre 2015 y 2016 para determinar la seroprevalencia de la enfermedad en los rebaños en Argelia e identificar los factores de riesgo asociados. Se visitaron 56 rebaños de nueve departamentos y se recolectaron 689 muestras de sangre de ovinos y mediante la prueba de ELISA, para detectar anticuerpos específicos contra Pestivirus, obtuvo una seroprevalencia basada en la sensibilidad y especificidad estimada de 68,20% (IC del 95%; 60,2-76,3). Y 144/197 sueros fueron positivos en VNT para BDV y 2 sueros fueron muy positivos para BVDV-2. Cincuenta y cinco rebaños (98%) tenían al menos un animal seropositivo y la seroprevalencia aparente dentro del rebaño se estimó en 60,17% (IC del 95%: 52,96–66,96) (Feknous *et al.*, 2018).

En un Resumen completo sobre la prevalencia de diferentes enfermedades abortivas y la evaluación de los factores de riesgo potenciales en los pequeños rumiantes en Argelia. Se recopilaron datos de 25 artículos publicados entre 2003 y 2020. El tamaño medio total de la muestra fue de 53.080 pequeños rumiantes. La mayoría de las enfermedades por infecciones se diagnosticaron mediante pruebas serológicas y moleculares, la enfermedad de la frontera y la diarrea viral bovina tuvieron una prevalencia de 22,68% y el 1,01% respectivamente de las ovejas examinadas (Haif *et al.*, 2021).

A fines del verano de 2017, observo casos agudos y fatales de diarrea viral bovina en el borrego cimarrón de las Montañas Rocosas (*Ovis canadensis canadensis*) en cautiverio en Colorado después del uso de una vacuna contra el virus de la lengua azul. Después de la vacunación, al menos 14 de 28 (50%) borregos cimarrones vacunados desarrollaron diarrea hemorrágica y 6 de 28 (21%) borregos cimarrones vacunados murieron. Los 6 borregos cimarrones que murieron dieron positivo en la PCR en tiempo real (rtPCR) para el virus de la diarrea viral bovina (BVDV) en múltiples tejidos. La secuenciación confirmó una coincidencia entre la cepa infectante de BVDV-1b y la vacuna contra el virus de la lengua azul (Fox *et al.*, 2019).

Al realizar una Infección experimental de terneros, ovejas, cabras y cerdos con virus similares a HoBi por inoculación directa o exposición a terneros persistentemente infectados. En este estudio los terneros, cabras y cerdos fueron seronegativos y las ovejas albergaban anticuerpos contra Pestivirus (probablemente debido a una exposición previa al vDVB), estos fueron expuestos al virus HoBi (virus emergente de Pestivirus) por inoculación directa (GIn) y por contacto con terneros infectados persistentemente con virus similares a HoBi virus (GEx). Ambos grupos GIn y GEx fueron monitoreados por síntomas clínicos mostrando los signos clínicos casi similares en estas especies. La tasa de la seroconversión fue mayor en los animales de los grupos experimentales GIn. En las ovejas, con títulos neutralizantes moderados a altos preexistentes contra el vDVB no impidieron la replicación y la diseminación viral. El estudio demostró que el ganado vacuno, las cabras y los cerdos seronegativos, además de las ovejas con anticuerpos positivos, pueden ser infectados por un virus similar a HoBi a

través de un ternero infectado de forma persistente y potencialmente transmitir el virus (Bauermann *et al.*, 2015).

El estudio fue determinar la presencia de anticuerpos neutralizantes contra Pestivirus en tres rebaños de ovinos de la región de los Ríos - Colombia. Se analizaron un total de 145 muestras de sangre extraídas por venopunción yugular y mediante la técnica de seroneutralización viral. Del total de muestras analizadas, 4 muestras (3%) resultaron positivas a la prueba de seroneutralización, con títulos de anticuerpos neutralizantes entre 8 y 64. Siendo 141 ovinos (97%) de las muestras fueron negativas a anticuerpos neutralizantes contra la cepa NADL perteneciente al BVDV-1a (González, 2021).

El objetivo del presente estudio fue determinar la frecuencia de los virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) y de la Enfermedad de la Frontera (VEF) en ovinos reproductores procedentes de una empresa ovejera de la sierra central del país. Se colectaron muestras de sangre de ovinos reproductores hembras (n=165) y machos (n=165) aparentemente sanos, con un promedio de edad de cuatro años, y criados en forma extensiva y mediante la prueba de neutralización viral. El $2.1 \pm 1.5\%$ (7/330) de ovinos reproductores tuvieron anticuerpos contra el vDVB (Llancars *et al.*, 2012).

En tres pueblos diferentes en las afueras de Gaborone del país de Botswana del continente africano. Se obtuvieron muestras de sangre de 100 cabras de propiedad de 11 pequeños agricultores y mediante la prueba de ELISA la prevalencia de anticuerpos detectados fue del 0% en cabras (Lysholm, 2016).

La presencia de diarrea viral bovina (DVB) en el hato caprino de la granja experimental de la Facultad de Medicina Veterinaria de Zootecnia-Guatemala, estando cerca los caprinos con otras especies susceptibles al virus como el ganado bovino y la capacidad de este para cruzar la barrera entre especie con facilidad. Se tomo muestras de 42 animales que es el total de la población de caprinos de la granja, incluyendo a las hembras reproductoras y a los machos. Se tomó muestras de sangre por animal en donde se analizó el suero por medio de la prueba de ELISA indirecto, prueba altamente sensible (97%) y específica (99%), se determinó que el 100% de las muestras fueron negativas a la presencia de anticuerpos contra vDVB (Gudiel, 2019).

El objetivo del presente estudio fue determinar anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en muestras de suero de caprinos adultos, hembras y machos, de crianza estabulada, semi-extensiva y trashumante, pertenecientes a 89 criadores de cuatro provincias del departamento de Lima: Huaura (n=196), Huaral (n=233), Canta (n=153) y Lima (n=172). La detección de los anticuerpos neutralizantes contra el vDVB en muestras de suero (n=754) se hizo mediante la prueba de neutralización viral. El 1.2% (9/754) de las muestras presentaron anticuerpos contra el vDVB. Las muestras serorreactoras fueron de cabras de crianza trashumante de las provincias de Canta y Huaura (Benito *et al.*, 2018).

1.2.3. Prevalencias alpacas

Una novilla PI y cuatro alpacas se mezclaron durante 2 semanas. Se recolectaron muestras de sangre semanales y se realizaron exámenes clínicos dos veces por semana en las alpacas. El análisis de suero por ELISA de anticuerpos indicó que las cuatro alpacas fueron positivas para anticuerpos específicos de vDVB entre 35 y 54 días después de mezclarse con la novilla PI que tenía el vDVB-1c. En general, todos los parámetros clínicos físicos medidos fueron normales. Los análisis bioquímicos y hematológicos del suero en dos de las alpacas revelaron concentraciones marginalmente bajas de sodio, el cloro y potasio elevadas, una linfocitosis, monocitosis y una neutrofilia en algún momento. Este estudio mostró que la infección en las alpacas australianas ocurre fácilmente cuando un bovino PI con el vDVB-1c se mezcla con alpacas negativas y que las infecciones agudas son clínicamente leves e indetectables (Evans *et al.*, 2018).

Se realizó un estudio de prevalencia serológica para vDVB y *N. caninum* en una población regional de alpacas del sur de Australia. Se tomaron muestras de suero de 182 alpacas en 10 granjas, que tenían una población de 1308 alpacas. El análisis serológico de anticuerpos contra DVB se realizó utilizando un kit ELISA competitivo de anticuerpos contra vDVB. De las 182 alpacas muestreadas, 5 animales de tres propiedades fueron positivos para anticuerpos contra el vDVB, lo que constituye una prevalencia de 2.7% (IC 95% 1-6%) (Cockcroft *et al.*, 2015).

Por análisis serológico y virológico para detectar infección por vDVB en una población cautiva de camélidos en un zoológico chileno con antecedentes de abortos cuya patología sugiere una etiología infecciosa. Tomo muestras de sangre

de 25 camélidos siendo 3 guanacos, 5 llamas y 17 alpacas de este zoológico de Chile y mediante la detección de anticuerpos neutralizantes contra vDVB, se detectó que tres alpacas y un guanaco eran seropositivos (Salgado *et al.*, 2018).

Al evaluar la seroprevalencia de anticuerpos contra vDVB y PPRV entre alpacas criadas en la provincia de Shanxi en el norte de China. Se obtuvieron muestras de suero de 246 alpacas en las ciudades de Taiyuan (n = 182), Xinzhou (n = 31) y Jinzhong (n = 33) de la provincia de Shanxi, y las pruebas serológicas se llevaron a cabo utilizando el ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas competitivo. La seroprevalencia general al vDVB fue del 3,25% (IC del 95%: 1,03–5,47), y las alpacas seropositivas se encontraron sólo en la ciudad de Taiyuan (Liu *et al.*, 2021).

El estudio se realizó, para investigar la presencia de infecciones por herpesvirus bovino-1 (BHV-1), virus de la leucemia bovina (BLV) y virus de la diarrea viral bovina (BVDV) en dromedarios (*Camelus dromaderius*) en rebaños mezclados con ovejas y cabras en Argelia. En total, se recolectaron 111 sueros de camellos de dos provincias (Laghouat y Ghardaia) en Argelia. Los sueros se analizaron en busca de anticuerpos específicos de vDVB y antígeno de vDVB: Usando ELISA, La tasa de seropositividad fue del 9,0% para el anticuerpo específico del vDVB, aunque el 41,4% de los camellos analizados dieron positivo al antígeno del vDVB, Los resultados indicaron que los camellos podrían representar una fuente importante de infección por vDVB en todos los rumiantes, incluidos bovinos, ovinos y caprinos criados en rebaños mixtos en Argelia, ya que tenían tasas de prevalencia de vDVB más altas (Saidi *et al.*, 2018).

Se diseñó para investigar la situación epidemiológica actual de la infección por el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) y el virus de la fiebre del valle del rift (RVFV) de camellos que se originan en el "contrabandista" de Sudán y Egipto como parte de un plan futuro para un programa nacional de vigilancia en Egipto. se realizó mediante técnicas de diagnóstico serológico y biología molecular. Se recolectaron un total de 200 muestras de sangre de camello (120 provenientes del "contrabandista" de Sudán y 80 de la raza local) y se sometieron a pruebas de presencia de vDVB y RVFV con diferentes edades y sexos, resultando sesenta y seis de los 200 camellos (33%) dieron positivo para anticuerpos del vDVB, Por

otro lado, la seroprevalencia de vDVB para anticuerpos fue de 47.5% fue mayor en camellos originados en Sudán "contrabandista" que, en la raza local, que fue del 11,2% para vDVB (Bahgy *et al.*, 2018).

El objetivo fue investigar serológicamente la presencia y las tasas de infección de estos virus: enterovirus bovino-1 (BEV-1), herpesvirus bovino tipo 1 (BHV-1), virus de la diarrea viral bovina (vDVB) y parainfluenza-3 (PI-3) en camellos en la provincia de Aydin, Turquía occidental. Se tomaron 92 muestras de suero de camellos clínicamente sanos que se mantenían en granjas privadas o se llevaban a los mataderos locales. Se realizó una prueba de neutralización del suero para evaluar la presencia y los títulos de anticuerpos específicos contra el virus vDVB en sueros de camellos. De los 92 camellos examinados 54 (58,7%) fueron seropositivos para vDVB, esta infección viral es común entre los camellos en Turquía occidental (Erol *et al.*, 2020).

1.2.4. Prevalencias alpaca, bovinos y ovinos

Las cepas del vDVB son patógenas principalmente en el ganado bovino, puede producirse la transmisión entre especies cuando tiene lugar un contacto directo con ovejas, cabras y cerdos. La infección de hembras de pequeños rumiantes o cerdas gestantes por el vDVB puede dar lugar a pérdidas reproductivas y al nacimiento de animales PI. Se han registrado infecciones por el vDVB en camélidos tanto de América como en Europa (OIE, 2018).

En la mayoría de los casos que se involucran llamas y alpacas donde ha habido algunas mezclas con vacunos, ovejas o cabras. El consenso ha sido que hay una transmisión del *Pestivirus*, principalmente el vDVB del vacuno a las llamas y alpacas, y con mayor densidad del vacuno virémico que son los PI principal candidato para transmitir a llamas y alpacas susceptibles (Danielle *et al.*, 2016).

La Prevalencia y los factores de riesgo de vBVD en cabras y bovinos en Gaborone, Botswana y sus alrededores. La seroprevalencia del vDVB en Gaborone y sus alrededores fue del 0% en cabras y del 53,5% en bovinos a pesar que un 64% de los vacunos están cerca de las cabras y un 18% que conviven con los ovinos (Lysholm, 2016).

El objetivo fue investigar el impacto de una infección experimental con una cepa australiana local de vDVB (Tipo 1c) en el desempeño reproductivo de ovejas preñadas y el potencial de transmisión natural de vDVB de ganado infectado persistentemente (PI) a ovejas sensibles. Se infectaron experimentalmente veintitrés ovejas preñadas, mediante inoculación subcutánea con 2 ml de suero de vaca PI congelado-descongelado. Se observaron graves pérdidas reproductivas, incluidas bajas tasas de partos y un alto número de muertes de corderos jóvenes, también se produjo un cordero PI. En el mismo estudio nueve ovejas sensibles se mezclaron con tres terneros PI de vDVB en un potrero de 1500 metros cuadrados durante cuatro semanas. La transmisión de la infección, según lo indicado por la seroconversión, ocurrió en cuatro de nueve madres durante un período de convivencia de cuatro semanas. Los ensayos sugieren que existe el potencial de infección por vDVB que provienen de ganado vacuno para el ovino (Evans *et al.*, 2015).

Al investigar las respuestas clínicas, hematológicas y reproductivas en ovejas preñadas infectadas con la cepa predominante del vDVB australiano vDVB-1c. Se inocularon experimentalmente veintidós ovejas gestantes con suero derivado de un ganado vacuno vDVB PI entre los 59 y 69 días de gestación. 11 ovejas no presentaron ningún síntoma, el resto registraron pérdidas fetales graves, anomalías físicas y neurológicas en los corderos y el nacimiento de un cordero infectado persistentemente. Los resultados de este estudio sugieren que las infecciones agudas por BVDV-1c en ovejas son clínicamente evidentes. Para eliminar las pérdidas reproductivas asociadas con la infección por vDVB. Se debe evitar el contacto cercano entre ovejas y bovinos (Evans *et al.*, 2017).

La posible aparición de infecciones por *Pestivirus* (vDVB o BVD) en pequeños rumiantes en Indonesia, particularmente en Java Central. Utilizó 46 muestras de sangre que constan de 26 sangre de oveja y 20 de cabra y mediante un ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas de anticuerpos competitivos para detectar anticuerpos específicos contra *Pestivirus* seguido de un análisis de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) para todas las muestras positivas para diferenciar las especies de *Pestivirus*. Resultando dos de las 20 muestras recolectadas de cabras fueron positivas para *Pestivirus* a niveles serológicos y moleculares, mientras que 2 de las 26 muestras recolectadas de

ovejas fueron dudosas, pero dieron negativo por RT-PCR. Los resultados de la prueba de genotipado obtenidos mediante PCR anidada revelaron que las muestras positivas recolectadas de cabras tenían un genotipo de BVDV-1 (Hidayat *et al.*, 2021).

1.2.5. Persistentemente infectado al vDVB (PI)

Los virus de la diarrea viral bovina (BVDV) pueden causar infecciones tanto agudas como persistentes en el ganado. La exposición a animales infectados persistentemente (PI) del vDVB da como resultado la transmisión del virus a un animal sensible, lo que provoca una infección aguda transitoria. Si bien se sabe que la exposición directa a animales IP es un medio de transmisión altamente eficaz (Falkenberg *et al.*, 2018).

Los animales que se infectan intrauterina con el vDVB en el primer trimestre de la gestación quedan infectados de forma persistente (PI) al vDVB. Estos constituyen el principal reservorio del virus en las poblaciones de ganado y excretan grandes cantidades del virus con la orina, las heces, secreciones corporales, la leche y el esperma (OIE, 2018).

Se realizó un metanálisis de efectos aleatorios para estimar las prevalencias mundiales del virus de la diarrea viral bovina (BVDV) de animales y rebaños infectados persistentemente (PI), virémicos (VI) y anticuerpos positivos (AB). El metanálisis cubrió 325 estudios en 73 países que determinaron la presencia o ausencia de infecciones por BVDV en ganado entre 1961 y 2016. En total, se analizaron 6,5 millones de animales y 310.548 rebaños para detectar infecciones por vDVB en la población bovina mundial. Las prevalencias de PI agrupadas en todo el mundo a nivel animal variaron: baja ($\leq 0,8\%$ en Europa, América del Norte, Australia), media ($> 0,8\%$ a $1,6\%$ en Asia oriental) a alta ($> 1,6\%$ en Asia occidental). Las prevalencias de PI en Europa disminuyeron con el tiempo, mientras que la prevalencia de BVDV aumentó en América del Norte. Las prevalencias de IP combinadas medias más altas a nivel animal se identificaron en países que no habían implementado ningún programa de control y / o erradicación del vDVB (incluida la vacunación) (Scharnböck *et al.*, 2018).

Se investigó la distribución del vDVB y las características epidemiológicas del ganado infectado persistentemente (PI) en la prefectura de Ibaraki de Japón, e identificó factores de riesgo a nivel de granja asociados con la infección por vDVB, con un enfoque en la transmisión dentro de la granja y la detección de animales PI. Se recogieron 9016 sueros. Estas muestras de suero se recolectaron al azar de 377 granjas, se analizaron en busca de anticuerpos anti- vDVB usando ELISA de bloqueo (VDPro BVDV ab ELISA, Median Diagnostics, Chuncheon, Corea). Las muestras de suero de todo el ganado lechero en 302 granjas que resultaron ser positivas a anticuerpos se analizaron posteriormente para detectar el antígeno del vDVB mediante ELISA tipo sándwich (IDEXX BVDV Ag. ELISA, Japón). Los bovinos con antígeno positivo del vDVB se volvieron a analizar después de 3 semanas, y los bovinos con antígeno positivo en ambas pruebas se diagnosticaron como bovinos PI. Se identificaron 44 bovinos PI en 22 de 377 fincas (5,8%) (Akagami *et al.*, 2020).

En este estudio fue determinar la prevalencia de vDVB PI entre los terneros en el sureste de los Estados Unidos y evaluar si los bovinos de peso corporal más liviano tendrían una mayor prevalencia de infección persistente por el vDVB que los bovinos de mayor peso. Se tomaron muestras de terneros almacenados de los mercados de subastas en Alabama, Florida, Georgia, Mississippi y Tennessee de marzo a diciembre de 2005. Se recogieron biopsias de piel (muescas en las orejas) en formalina tamponada con zinc para la detección de la infección persistente por vDVB mediante inmunohistoquímica. Se detectaron veinticuatro terneros positivos para vDVB en una muestra de 7.544 terneros. La prevalencia general de IP de vDVB en terneros reproductores muestreados se midió en 0.318%. En este estudio, los terneros que pesan menos de 180 kg tuvieron una mayor prevalencia de PI del vDVB con una probabilidad 2,78 veces mayor de ser animales PI en comparación con los terneros de más de 180 kg (Stephenson *et al.*, 2017).

Al determinar la prevalencia de animales persistentemente infectados PI por diarrea viral bovina en bovinos, se detectaron animales PI en cinco regiones diferentes de Colombia y mediante técnicas de RT-PCR y se confirmó mediante secuenciación. Se encontró una prevalencia del vDVB del 7% en animales y del 22% en granjas, Este es el primer informe en Colombia con tasas de prevalencia más altas en comparación con otros lugares del mundo (Quintero *et al.*, 2019).

Al determinar la dinámica de la seroconversión de diarrea viral bovina (DVB) así como la presencia de animales persistentemente infectados (PI) con el virus de DVB en fundos ganaderos de dos estaciones experimentales de la Universidad Nacional del Centro del Perú: Se utilizaron 111 bovinos Brown Swiss del establo de la EEA el Mantaro y 39 bovinos Holstein de la GA de Yauris, ambos ubicados en la sierra central, Región Junín, Perú. Los muestreos se hicieron en tres periodos del año considerando las estaciones de lluvias y de estiaje de 2016 para la EEA El Mantaro y 2017 para la GA Yauris. para detectar antígenos de DVB mediante la prueba de ELISA. En la EEA el Mantaro la prevalencia de animales PI fue de 5.4%. Para la GA Yauris, la prevalencia de animales PI fue 2.78% (Villar *et al.*, 2020).

La prevalencia de la EEA El Mantaro fue 73.5%, la dinámica de seroconversión en el hato fue creciente en el tiempo, y la prevalencia de animales PI fue de 5.4%. Para la GA Yauris, la prevalencia promedio de DVB fue 16.67%, la dinámica de seroconversión fue estable en el tiempo, y la prevalencia de animales PI fue 2.78% (Villar *et al.*, 2020).

El estudio fue identificar bovinos persistentemente infectados (PI) y el genotipo del virus de la diarrea viral (vDVB) en bovinos de pequeños ganaderos de cinco distritos de la provincia de Anta, Cusco, que resultaron negativos a anticuerpos contra el VDVB (n=558) en un estudio previo. La identificación de los animales PI se realizó en las 558 muestras de suero de bovinos Holstein, Brown Swiss y criollos hembras de varias edades, mediante la prueba de ELISA de captura. La prevalencia de los animales PI en la población bovina muestreada de la provincia de Anta fue de 2.2% (12/558) (Valdez *et al.*, 2018).

1.2.6. Genotipo del vDVB

En argentina se ha reportado la presencia de vDVB de genotipos 1a, 1b y 2. En los últimos estudios filogenéticos realizados se observó el siguiente orden de frecuencia de los genotipos: 1. ° vDVB-1b, 2. ° vDVB-1a, 3. ° vDVB-2 (Pecora & Perez, 2017).

En el suroeste de China mediante la prueba RT-PCR para estudiar la tasa de infección por vDVB en cabras enfermas en esta región. Los resultados demuestran

que todas las muestras positivas indican infección por vDVB-1 y no por BVDV-2, BVDV-3 o el virus de la enfermedad de Border. Se reconoció que las características moleculares de la región 5' - no traducida (5' - UTR) de BVDV-1 pertenecían predominantemente a los subtipos BVDV-1a, 1b, 1c, 1m y 1p. BVDV-1b y 1m fueron los subtipos más abundantes (Deng *et al.*, 2018).

Brotos de abortos y corderos nacidos con síntomas clínicos de tipo nervioso y / o malformaciones congénitas que afectaron a diferentes explotaciones de ovinos en España. Se estableció el diagnóstico inicial de "enfermedad de la frontera", basado en los signos clínicos, pero por detección de ARN mediante una RT-PCR del Pestivirus y corroborado por técnicas inmunohistoquímicas y moleculares se identificó al BVDV-2b como el agente etiológico (Partida *et al.*, 2017).

Durante un período de tres años, 2004-2007, más de 12,000 alpacas en los Estados Unidos fueron evaluadas por RT-PCR en tiempo real para identificar alpacas persistentemente infectadas (IP) con el virus de la diarrea viral bovina (BVDV). Se aislaron un total de 46 virus BVD de alpacas PI. Se analizaron cuarenta y tres aislamientos de BVDV de alpaca estadounidense y 3 aislamientos canadienses mediante la comparación de secuencias de nucleótidos de dos regiones genómicas virales, el gen 50-UTR y el gen Npro para determinar su relación genética. Los 46 aislamientos de vDVB de alpaca de 8 estados diferentes de los EE. UU y Canadá tenían el genotipo vDVB 1b (Kim *et al.*, 2009).

Se reconocen dos especies de vDVB, vDVB1 y vDVB2 con vDVB1 dividido en al menos 21 subgenotipos y vDVB2 en 3-4 subgenotipos, más comúnmente usando secuencias de la región 5' no traducida (5' UTR). Este estudio ilustró la considerable diversidad genética y antigénica del vDVB2 que circula en EE. UU (Neill *et al.*, 2019).

Se analizaron genéticamente 766 vDVB aislados de 2006 a 2014 de vacas en Hokkaido, Japón, para comprender las epidemias recientes. Al análisis filogenético basado en secuencias de nucleótidos de la región 5' no traducida del genoma viral reveló que de los 766 aislamientos se clasificaron como genotipo 1 (vDVB-1; 544 aislamientos) y genotipo 2 (vDVB-2; 222). Los aislados de vDVB-1 se dividieron en subgenotipos de vDVB-1a (93), 1b (371) y 1c (80), y todos los aislados de vDVB-2 se agruparon en el subgenotipos de vDVB-2a (222). Los

aislados de campo de vDVB-1a, 1b y 2a muestran diversidad genética en el gen E2 con conservación antigénica entre cada subgenotipos durante los últimos 14 años (Abe *et al.*, 2016).

Alemania con un programa de control obligatorio con detección y eliminación de animales infectados persistentemente está en vigencia desde 2011. Para el rastreo molecular de la transmisión del virus, se estableció una base de datos de secuencia integral de los virus DVB que circulan actualmente. Se generaron secuencias parciales de 1007 muestras recolectadas entre 2008 y 2016. Como virus dominantes, los subtipos 1b (47.0%) y 1d (26.5%) se pudieron identificar sin un efecto geográfico o año de muestreo marcado, se detectó una cantidad mucho mayor de vDVB-2c en 2013 en comparación con otros años, predominantemente en el oeste Alemania. Además, se encontraron los subtipos 1a, 1e, 1f, 1h, 1g, 1k y 2a. Curiosamente, además de los virus de campo, se detectaron dos virus de vacunas vivas diferentes en muestras de tejido de terneros recién nacidos (n = 37) cuyas madres fueron inmunizadas durante la gestación (Wernike *et al.*, 2017).

Presenta los resultados de una encuesta epidemiológica de *Pestivirus* circulantes en el ganado en el sur de Italia. Los ensayos moleculares realizados en un total de 924 muestras bovinas detectaron 74 cepas de vDVB, incluidos 73 virus vDVB-1 y 1 vDVB-2. El análisis filogenético realizado en secuencias parciales de 5'UTR y Npro reveló la presencia de 6 subtipos diferentes de vDVB-1 y una única cepa de vDVB-2c. El vDVB-1 mostró un alto nivel de heterogeneidad genética, que puede tener implicaciones tanto profilácticas como diagnósticas (Lanave *et al.*, 2017).

Dos especies, vDVB-1 y vDVB-2, discriminadas en base a diferencias genéticas y antigénicas, se clasifican en el género *Pestivirus* dentro de la familia Flaviviridae y se distribuyen en todos los continentes. El vDVB-1 se puede segregar en al menos veintiún subgenotipos (1a – 1u), mientras que se han descrito cuatro subgenotipos para el vDVB-2 (2a – 2d). Con respecto a las secuencias publicadas, el número de aislados de virus descritos para vDVB-1 (88,2%) es considerablemente mayor que para vDVB-2 (11,8%). Los subgenotipos de vDVB-1 notificados con más frecuencia son 1b, seguido de 1a y 1c. El mayor número de varios subgenotipos del vDVB se ha documentado en países europeos,

lo que indica una mayor diversidad genética del virus en este continente (Yeşilbağ *et al.*, 2017).

El objetivo era llevar a cabo un estudio filogenético de los virus de la diarrea viral bovina (vDVB) que circulaban en los rebaños de ganado irlandés de 2011 a 2014. Se subtipificaron 350 virus de 267 rebaños mediante análisis de secuencia de nucleótidos de la 5' "UTR y / o las regiones Npro. Todos los virus investigados en este estudio pertenecían a la especie vDVB-1 con vDVB-1a como subtipo predominante (97%). Los subtipos vDVB-1b, vDVB-1d y vDVB-1e se identificaron por primera vez en Irlanda. Se identificaron cepas de virus similares en diferentes condados, provincias y años, lo que indica la posibilidad de investigar la epidemiología de la enfermedad al combinar el análisis de secuencias con datos de movimiento de animales (O'Brien *et al.*, 2017).

Al determinar la prevalencia de animales persistentemente infectados PI por el virus de la diarrea viral bovina. Se detectó animales PI en cinco regiones diferentes de Colombia y mediante técnicas de RT-PCR se confirmó mediante secuenciación al genotipo vDVB-1a en todas las muestras (Quintero *et al.*, 2019).

El estudio del genotipo del virus de la diarrea viral (vDVB) en bovinos de pequeños ganaderos de cinco distritos de la provincia de Anta, Cusco, en muestras de suero de bovinos Holstein, Brown Swiss y criollos hembras de varias edades, mediante la prueba de ELISA de captura. La identificación del genotipo viral fue realizada en cuatro muestras de bovinos PI mediante la prueba de RT-PCR en tiempo real. Correspondiendo al genotipo 1 (vDVB-1). No hubo amplificación de la secuencia del genotipo 2 (Valdez *et al.*, 2018).

Al determinar el fenotipo y genotipo de cepas del Virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) aisladas de bovinos de diversos lugares del Perú. Entre 1998 y 2007 se colectó muestras de tejidos de fetos abortados, sangre, suero o plasma de bovinos con infección aguda o portadores del virus procedente de las principales cuencas lecheras del país para la búsqueda del antígeno del vDVB mediante inmunofluorescencia y ELISA de captura. Las muestras positivas al antígeno viral fueron cultivadas en monocapas de células de cornete nasal de feto bovino (CNB), libre del vDVB hasta el tercer pasaje, para determinar el biotipo. Las muestras positivas, tanto de los tejidos como del tercer pasaje, fueron procesadas por la



técnica RT-PCR en tiempo real, para determinar el genotipo viral. Resultaron positivas al vDVB mediante la técnica de RT-PCR en tiempo real todas las cepas pertenecieron al vDVB-1, y los resultados enriquecen la epidemiología de la DVB en el país y sugiere la ausencia o baja prevalencia de cepas del vDVB-2 en la población bovina de las principales cuencas lecheras (Arainga, 2010).

CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1. Identificación del problema

La diarrea viral bovina (vDVB) es una enfermedad de distribución mundial y muy prevalente del ganado doméstico y otros rumiantes, recientemente se incluyó en la lista de la OIE de enfermedades de notificación obligatoria (Evans & Reichel, 2021). En el Perú fue introducida en la década del 60 con la importación de vaquillas de un país donde la enfermedad es endémica (Rivera, 2008), que ocasionan pérdidas económicas considerables y continuas cada año en la industria ganadera (Quintero *et al.*, 2019) por causar una variedad de síndromes patológicos en el ganado, que incluyen enfermedad gastrointestinal, respiratoria, insuficiencia reproductiva, inmunosupresión, enfermedad de las mucosas y síndrome hemorrágico (Danielle *et al.*, 2016); con prevalencias de PI agrupadas en todo el mundo a nivel animal de: baja ($\leq 0,8\%$ en Europa, América del Norte, Australia), media ($> 0,8\%$ a $1,6\%$ de Asia oriental) a alta ($> 1,6\%$ de Asia occidental). Las prevalencias de PI y AB en Europa disminuyeron con el tiempo, mientras que la prevalencia de vDVB aumentó en América del Norte. Las prevalencias de PI combinadas medias más altas a nivel animal se identificaron en países que no habían implementado ningún programa de control y / o erradicación del vDVB (incluida la vacunación) (Scharnböck *et al.*, 2018). Una situación relevante e importante en el ciclo de este virus es el desarrollo de infecciones persistentes en animales expuestos al virus durante la gestación. Estos animales persistentemente infectados (PI) son reservorio del virus y la principal fuente de diseminación del vDVB durante toda su vida. La infección persistente es una condición que se obtiene como consecuencia de una infección fetal transplacentaria con el vDVB durante el primer trimestre de la gestación. Los terneros que nacen PI eliminan virus continuamente en altas concentraciones; las hembras PI que

se utilizan como reproductoras pueden abortar, o transmitir el virus al feto y generar una progenie también PI (Odeon & Pasquale, 2016), Ellos eliminan continuamente grandes cantidades de virus con la orina, las heces, secreciones corporales, la leche y el espermatozoides durante toda su vida (OIE, 2018). Los animales con infección aguda también son fuente de infección; aunque menos eficiente tienen un período de contagio breve (4 a 17 días) (Odeon & Pasquale, 2016).

El virus de la diarrea viral bovina (vDVB) afecta principalmente al bovino, puede cruzar la barrera de esta especie a los ungulados, también se confirmó en alpacas y llamas, (Barbieri *et al.*, 2014; Danielle, 2016), debido a la existencia de diferentes factores que promueven la difusión como pastan en pastos comunales, la presencia de vacunos cerca a los ovinos, alpacas y llamas o se crían juntos en el mismo corral (Lysholm, 2016), aunada al manejo inadecuado de los animales que contribuyen a la difusión y transmisión de la enfermedad (Avci, 2014), Dos especies, BVDV-1 y BVDV-2, en base a diferencias genéticas y antigénicas, se clasifican en el género Pestivirus dentro de la familia Flaviviridae y se distribuyen en todos los continentes. El vDVB-1 se puede segregar en al menos veintidós subgenotipos (1a – 1u), mientras que se han descrito cuatro subgenotipos para el vDVB-2 (2a – 2d) (Yeşilbağ *et al.*, 2017) y una nueva especie de Pestivirus putativo, llamada provisionalmente "HoBi-like", "BVDV-3" o "*Pestivirus atípico*", se identificó por primera vez en Europa en suero fetal bovino (FBS) importado de Brasil (Pecora, *et al.*, 2015; Weber *et al.*, 2017). Existen escasos estudios sobre seroprevalencia, de anticuerpos, antígenos y genotipos del vDVB en los rebaños de crianza mixta que cohabitan en corrales, que pastan conjuntamente en pastizales comunales los vacunos, ovinos y alpacas en zonas alto andinas. De esta manera se pretende tener estudios epidemiológicos más estandarizados para ayudar a los tomadores de decisiones a implementar políticas de salud animal.

2.2. Enunciados del problema

La actividad ganadera es de fundamental importancia para el área rural y la seguridad alimentaria del país. Genera empleo e ingreso a 1.8 millones de familias, que equivalen a 7.6 millones de personas, En general, se observa que a nivel de pequeños y medianos productores existen bajos rendimientos, notándose altas brechas productivas, tecnológicas y de infraestructura (MINAGRI, 2017), aunándose el impacto sanitario y socioeconómico de enfermedades del ganado en diversos escenarios epidemiológicos en

el Perú (Martínez *et al.*, 2014). Los efectos perjudiciales de las infecciones por el virus de la diarrea del virus bovino (vDVB) influyen en la producción de leche, el rendimiento reproductivo se ve afectado, hay un retraso del crecimiento de los animales afectados especialmente de los PI, potencian otras enfermedades, la eliminación temprana de los animales afectados y hay un aumento de la mortalidad entre los animales jóvenes (OIE, 2018), es por eso que la selección de una estrategia de control siempre debe basarse en investigaciones epidemiológicas exhaustivas realizadas en las mismas condiciones en las que se podría aplicar un programa.

En ese sentido primeramente se detectó la presencia de anticuerpos contra el vDVB, mediante el análisis inmunoenzimática que tiene una alta sensibilidad y especificidad, en los animales en estudio como son los vacunos, ovino y alpacas, que han sido infectados con el vDVB de ahí la presencia de los anticuerpos contra el vDVB.

Los vacunos que resultaron seronegativos a anticuerpos se sometieron a la prueba de Elisa por atrapamiento de antígenos en una primera instancia y los que resultaron positivos a esta prueba, a los 30 días se realizó la reprobación tomándoles nuevamente muestras de sangre de estos animales seropositivos a antígenos por la misma prueba, con ello se identificó a los vacunos persistentemente infectados PI al vDVB.

De estos vacunos detectados a PI se extrajeron el RNA del suero sanguíneo en donde se sometieron al análisis de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción reversa en tiempo real (PCR-TR) de esta manera se identificó al genotipo viral de la diarrea viral bovina que está presente en los vacunos. De igual forma ocurrió en los ovinos y alpacas que tuvieron algún problema reproductivo.

Tiene importancia epidemiológica para programas de control de la enfermedad, en crianza mixta de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque del distrito de Santo Tomas, provincia de Chumbivilcas, Región del Cusco.

2.3. Justificación

a) Aspecto general

En la actualidad la ganadería en las zonas altas de la región del Cusco de la provincia de Chumbivilcas distrito de Santo Tomas en sus comunidades específicamente de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque están descuidadas y poco valoradas por el exiguo

beneficio que obtiene el ganadero de sus animales, no tienen rendimientos esperados como en la ganancia de peso, producción láctea, lana, fibra, más aún los problemas reproductivos y hasta la muerte del animal por diferentes factores, una de ellas es la presencia de enfermedades infecciosas que conlleva a que se desarrolle una ganadería deficiente y en menor escala para generar ingresos económicos.

b) Aspecto social

Dado que los pobladores de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque con mayor índice de desnutrición y pobreza de la Región del Cusco. La ganadería puede contribuir a disminuir estos índices, pues de la ganadería se obtienen alimentos de buena calidad como por ejemplo carne, leche, vestidos de lana, fibra y además pueden generar ingresos económicos para la adquisición de otro tipo de alimentos y vestimenta y así disminuir la desnutrición. Ya que hay un desconocimiento y despreocupación por parte de los ganaderos si se tiene o no la enfermedad de la diarrea viral bovina en el ganado vacuno, ovino y alpaca que en su gran mayoría tienen una crianza mixta. es por ello el presente trabajo definirá si se tiene algún índice de infección y si se detectan seropositivos se tomará las medidas adecuadas del caso.

c) Aspecto económico

las enfermedades infecciosas ocasionan grandes pérdidas al ganadero, lo que repercute negativamente en el ingreso económico del productor (Newcomer & Walz, 2017). El virus de la diarrea viral bovina (vDVB), tiene características de síntomas clínicos muy peculiares desde respiratorios, digestivos e inmunosupresión en los animales y como agente potenciador de otras enfermedades que pueden resultar en pérdidas generalizadas de animales (Evans & Reichel, 2021) y se clasifica como la segunda enfermedad económicamente más significativa que afecta al ganado (Reichel *et al.*, 2018) para el caso del productor de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque ocasiona grandes pérdidas económicas ya que sus animales tienen menor valor económico por encontrarse en malas condiciones de carnes, baja la producción (leche, carne, lana, fibra), los animales abortan, enferman, algunos mueren y no existe tratamiento, lo que repercute negativamente en el ingreso económico del comunero.

d) Aspecto tecnológico

Al concluir el presente trabajo se conocerá el estado epidemiológico y nos facilitara elaborar estrategias de prevención y control de la enfermedad de la diarrea viral bovina (BVD), Animales persistentemente infestados portadores de la enfermedad de la diarrea viral bovina (BVB) y conocer el biotipo del virus de la diarrea viral bovina que a un futuro pueda aplicarse campañas de vacunación ya conociendo al biotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en estas comunidades y por qué no a toda la provincia de Chumbivilcas. Haciendo uso adecuado de los productos biológicos y fármacos que se utilizaran para el control de esta enfermedad infecciosa y tomar las medidas preventivas para disminuir la prevalencia de esta enfermedad.

2.4. Objetivos

2.4.1. Objetivo general

Determinar la seroprevalencia en crianza mixta de bovinos, ovinos y alpacas, de los portadores e identificación del genotipo del virus de la diarrea viral bovina en las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.

2.4.2. Objetivos específicos

- Determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en edad y sexo en los vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.
- Determinar la seroprevalencia de los vacunos en edad y sexo, portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas, de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.
- Identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en las diferentes edades y sexo de los vacunos, ovino y alpacas de los rebaños de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo

y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.

2.5. Hipótesis

2.5.1. Hipótesis general

Existe anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en los bovinos, ovinos y alpacas debido a algunos síntomas clínicos que se presentaron como abortos, neumonías y diarreas en vacunos, en algunas crías de ovinos nacidas con pelos en ovinos y neurológicos, en las borregas abortos, en las alpacas abortos, por presencia del vDVB especialmente en los vacunos que son los principales transmisores que son persistentemente infectados al vDVB, siendo el genotipo I (DVBV-1) debido a que mayormente se encuentran en el mundo y porque no en Perú y por ende en los rebaños de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.

2.5.2. Hipótesis específicas

- La seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina se encuentra, en los vacunos, ovinos y alpacas en los rebaños de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.
- Son seroprevalentes los bovinos a infecciones persistentemente PI al virus de la diarrea viral bovina, en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas, de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.
- El genotipo del virus de la diarrea viral bovina es del tipo I (vDVB-1) mas no así del tipo 2 (DVBV-2) en los vacunos, ovinos y alpacas en los rebaños de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco.

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de estudio

3.1.1. Ubicación

El presente trabajo de investigación se realizó en la región del Cusco, provincia de Chumbivilcas, distrito de Santo Tomas, en las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque, que hacen crianza conjunta entre bovinos, ovinos y alpacas. Las comunidades se ubican al Sur del distrito de Santo Tomás, se tuvo dos etapas, siendo la primera etapa la toma de muestras de sangre en las tres especies de las comunidades mencionadas y la segunda en los vacunos que resultaron seropositivos al vDVB PI para la re prueba. Los análisis se realizaron en el laboratorio de “Desarrollo y Validación de Pruebas Serológicas y Moleculares Para La Investigación y Diagnóstico de Enfermedades Infecciosas” Escuela Profesional de Zootecnia de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco.

3.1.2. Ubicación política

- Región : Cusco.
- Departamento : Cusco.
- Provincia : Chumbivilcas.
- Distrito : Santo Tomás.
- Comunidades : Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque

3.1.3. Ubicación geográfica

- Latitud Sur : 14° 41' 29.99" S.
- Longitud Oeste : 72° 02' 58.29" W.
- Altitud Máxima : 4377 m.s.n.m.
- Altitud Mínima : 3665 m.s.n.m.

Fuente: (SENAMHI, 2019).

3.1.4. Datos climáticos

3.1.4.1. Clima

El clima es generalmente frío durante casi todo el año, con temperatura del día 18°C y durante la noche llega a los -1°C, presenta el piso ecológico puna; a lo largo del año varía el clima de acuerdo a las estaciones del año. Al igual que las comunidades altas de la sierra peruana, disminuye la temperatura en los meses de junio y julio, además presenta una intensa radiación solar y la baja conservación de la humedad atmosférica (SENAMHI, 2019).

3.1.4.2. Precipitación

La precipitación promedio anual está alrededor de 29.54 mm/año. La distribución de la precipitación a lo largo del año, con lluvias frecuentes durante los meses de noviembre hasta abril, lo que determina las épocas de las siembras y la cosecha (SENAMHI, 2019).

En lo que se refiere a la humedad relativa, la cual se expresa en porcentaje, y posible a una temperatura determinada. Este parámetro muestra una regularidad a través del año, teniendo los valores más altos en la temporada de lluvias y los más bajos en secas, en general se considera a la provincia como seca, con un promedio de 63% (SENAMHI, 2019).

3.2. Población

Se trabajó en función a la población de ganado existente en las comunidades de Vista Alegre: 1,986 vacunos, 1,998,000 ovinos y 586 alpaca; Allhuacchuyo: 412 vacunos, 1,994 ovino, 490 alpaca y Anchayaque: 697 vacunos, 1,004 ovinos y 386 alpacas (INEI, 2012), mayores a 6 meses de edad y se categorizara según su edad y especie (Zeballos, 2010; Ramirez, 2010).

3.3. Muestra

3.3.1. Determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina

El tamaño de muestra se determinó mediante el método no paramétrico de muestreo simple al azar tomando en cuenta una prevalencia del 50%, nivel de confianza de 95% y un error de precisión de 10% (Otzen & Manterola, 2017).

$$n = \frac{Z^2 N p . q}{(d)^2 (N - 1) + Z^2 p . q}$$

Dónde:

N: Población en riesgo

Z: 1.96 (Valor de la distribución normal al nivel de confianza del 95%)

p: Probabilidad 50%

q: probabilidad 50%

n: Tamaño de muestra.

d: Precisión con la que se generaliza los resultados, margen de error (0.1%).

Tabla 3

Tamaño de muestra de ganado por comunidad

Especie	Vista Alegre	Allhuacchuyo	Anchayaque	Total
Bovinos	92	78	85	255
Ovinos	92	92	88	272
Alpacas	51	49	48	148
Total	235	219	221	675

Tabla 4

Tamaño de muestra de vacuno por clase/comunidad

Categoría	Vista Alegre	Allhuacchuyo	Anchayaque	Total
Vaca > 30 meses	43	35	32	110
Vaquilla 12 a 24 meses	16	13	19	48
Tenera >6 mese	9	7	9	25
Toro > 25 meses	10	10	10	30
Torete 12 a 24 meses	10	10	10	30
Ternero >6 meses	4	3	5	12
Total	92	78	85	255

Tabla 5

Tamaño de muestra de ovinos por clase/comunidad

Categoría	Vista Alegre	Allhuacchuyo	Anchayaque	Total
Borrega >18 meses	39	40	39	118
Borreguilla 5 a 17 meses	26	25	27	78
Carnero >18 meses	12	15	12	39
Carnerillo 5 a 17 meses	15	12	10	37
Total	92	92	88	272

Tabla 6

Tamaño de muestra de alpacas por clase/comunidad

Categoría	Vista Alegre	Allhuacchuyo	Anchayaque	Total
Madre >18 meses	27	24	22	73
Tui hembra >6	9	10	10	29
Padrillo >18 meses	9	9	10	28
Tui macho >6	6	6	6	18
Total	51	49	48	148

3.3.2. Determinar la seroprevalencia de los vacunos edad y sexo, persistentemente infectados (PI) que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas

El tamaño de muestra de los bovinos para la detección de los PI, será de aquellos que resultaron seronegativos a anticuerpos contra el vDVB por ELISA, estas muestras se realizaron por captura de antígenos para determinar a los PI, en donde se realizara la toma de muestras de sangre en dos ocasiones sucesivas con un intervalo mayor a cuatro semanas.

3.3.3. Identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina en los vacunos, ovinos y alpacas en los rebaños de crianza mixta

El tamaño de muestra de los bovinos, ovinos y alpacas para identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina está en función al Kit de DVB en PCR-TR, que tiene solo para 100 muestras para analizar y por su alto costo se realizara de la siguiente manera, en los bovinos se analizara en la totalidad de los positivos al vDVB (PI) que fueron confirmados por captura de antígenos ELISA indirecta y para los ovinos y alpacas se determinara por medio de información de los productores que tuvieron algún problema reproductivo en sus animales.

3.4. Método de investigación

El nivel es descriptivo, explicativo con Intervalo de confianza de los anticuerpos contra el vDVB en clases de las especies vacunos, ovinos y alpacas que se crían conjuntamente (crianza mixta), a su vez se identificó a los vacunos permanentemente infectados a vDVB PI que son los principales diseminadores del virus para su especie y para los ovinos y alpacas, detectándolos por medio de análisis de ELISA por atrapamiento de antígenos de la DVB, e identificarlos al tipo de genotipo vDVB 1 y vDVB 2 de los seropositivos confirmados a vDVB PI. Por análisis de la reacción de la cadena de la polimerasa con transcripción inversa en tiempo real (PCR-TR)

3.5. Descripción detallada de métodos por objetivos específicos

3.5.1. Determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina clase y sexo en vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta

Para identificar a los animales con la diarrea viral bovina, se estableció mediante la detección de anticuerpos, para conocer la prevalencia de estos en la población de los bovinos, ovinos y alpacas y la transmisión que existe entre especies, ya que el virus puede saltar de especie a especie en la crianza mixta que coexiste en estas comunidades. El ensayo es una técnica ELISA competencia donde se utilizó placas de microtitulación tapizadas con antígenos del vDVB ERNS o NS3 (p80). Los anticuerpos contra el vDVB presentes en la muestra de suero sanguíneo se unieron al antígeno de la placa en la incubadora/agitador a $37\pm 2^{\circ}\text{C}$ (JITTERBUG-4PLACAS CAPACIDAD BOEKEL), el material se eliminó mediante lavados con solución buffer. El complejo antígeno-anticuerpo se detectó mediante un conjugado Peroxidasa de Rábano, el resto del conjugado sobrante se eliminó mediante el lavado de la placa en el lavador de placas (XO08MF BIOTEK), posteriormente se añadió una solución de Substrato-Cromógeno. En presencia del enzima el substrato se convirtió en un producto que reacciona con el cromógeno generando una coloración azul. Al añadir la solución de frenado, se generó un color amarillo. La Absorbancia se midió en el lector de ELISA (Biotek instruments – EPOCH 2) a una longitud de onda de 450-650 nm. El desarrollo del color indica la no presencia de anticuerpos contra el vDVB en la muestra.

La titulación de anticuerpos se realizó siguiendo las instrucciones del protocolo del kit comercial (Life, LSIVettmRumiantBVD/BDp80-Serum/Milk). Se interpretó los resultados en donde: el % inh < 50 negativo; $50 \leq$ % inh < 80 positivo leve; % inh \geq 80 positivo fuerte.

3.5.2. Determinar la seroprevalencia de los vacunos en clase y sexo, portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas

Para identificar a los bovinos aparentemente sanos, reservorios y portadores del virus de la diarrea viral bovina fue de todos aquellos animales que resultaron

seronegativos a la prueba de detección de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina, se utilizó la prueba de inmunoensayo ligado a enzimas (ELISA) por captura de antígenos. La detección del antígeno viral se realizó siguiendo el protocolo de kit comercial PrioCHECK^R BVDV Ag PI^{focus}, (Alemania Zurich.). Este kit permite la búsqueda de antígeno tanto en la fracción de células blancas sanguíneas, como en sangre entera y suero. Para el presente estudio se trabajó con suero sanguíneo y la lectura por densidad óptica en el lector de microplacas de ELISA (EPOCH 2 - BIOTEK) a una longitud de onda de 450 nm de absorbancia. Se realizó siguiendo las instrucciones del protocolo del kit comercial (PrioCHECK^R BVDV Ag PI^{focus}) interpretando los resultados: PP= <20 % negativo; PP ≥ 20 % positivo. (PP positividad porcentual)

3.5.3. Identificar el genotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en las diferentes edades y sexo de los vacunos, ovino y alpacas de los rebaños de crianza mixta

Para la identificación del genotipo del virus de la diarrea viral bovina se realizó de los 4 vacunos persistentemente infectados PI y de los ovinos y alpacas que tuvieron problemas reproductivos, para someterlos a la prueba de la Reacción de la Cadena de la Polimerasa con transcriptasa reversa en tiempo real (PCR-TR), para ello se utilizó un kit específico de Diarrea viral bovina virus - TM 100 pruebas Kit estándar genesig[®] ADN (Genesig, 2018). Antes del procedimiento se utilizó un Kit de extracción de ácidos nucleicos ARN y para la extracción del ácido nucleico RNA se utilizó un Rack magnético de separación de 12 tubos de 1.5 ml de capacidad. (NEW ENGLAND BioLabs^{inc}). Todo el proceso se llevó a cabo en la Cabina de PCR (Biobase código PCR-01) para evitar posibles contaminaciones y dentro de la cabina se encontraban el agitador de tubos y placas (vortex-genie[®] 2, scientific código 7404-0246 procedencia USA), Micropipetas 0.5 a 300 μ l, Tips con filtro, Tubos de reacción de PCR de 1,5 ml, rack magnético, reactivos, muestras.

3.5.3.1. Metodología extracción de ácidos nucleicos RNA

Se utilizó un kit manual de patógenos MagAttract^R 96 cador^R para la purificación de RNA y DNA vírico (QIAGEN).

a) Antes de empezar

- Se disolvió en el Carrier en Buffer AVE como se indica en el tubo respectivo.
- Se adiciono isopropanol (100%) al buffer ACB y etanol (96 – 100%) al Buffer AW1 y AW2 antes de utilizarlo.
- Se verifico las cantidades adecuadas en los tubos.
- Se equilibrio todos los reactivos a 15 – 25 °C antes de empezar.

b) Procedimiento

- Se pipeteo 20 µl de proteinase *K* en el fondo de un tubo de 2 ml y 200 µl de la muestra.
- En un tubo falcón se preparó la siguiente mezcla de Buffer VXL y se mezcló durante 30 segundos.

Tabla 7

Kit de extracción de ácidos nucleicos totales

Reactivo	Por 1 muestra	Por 48 muestra	Por 96 muestra
Buffer XVL	100 µl	4.8 ml	9.6 ml
Buffer ACB	400 µl	19.2 ml	38 ml
Suspensión de perlas	25 µl	1.2 ml	2.4 ml
Carrier RNA	1 µl	48 ul	96ul

- Se adiciono 500 µl de la mezcla Buffer VXL a cada tubo (donde ya se encuentra las muestras con la proteína *K*.)
- Se agito durante 25 minutos.
- Se colocó en el Rack Magnético por 1 minuto y retiro el sobrenadante con la ayuda de una pipeta, teniendo cuidado para no remover las perlas.

- Se retiró las perlas del Rack magnético.
- Luego se adiciono 600 μ l de AW1 a cada tubo.
- Se agito con el bortex por 1 minuto.
- Se colocó nuevamente al rack magnético la solución por 1 minuto y se retiró el sobre nadante con una pipeta, teniendo cuidado no remover las perlas.
- Se Retiró del Rack magnético y luego se adiciono 600 μ l de Buffer AW2 a cada tubo.
- Se agito nuevamente en el bortex por 1 minuto.
- Se colocó al rack magnético por 1 minuto y luego se retiró el sobrenadante con una pipeta teniendo cuidado no remover las perlas.
- Se dejó reposar por 10 minutos para que evapore el alcohol.
- Luego se adiciono 150 μ l de buffer AVE a cada tubo
- Se agito en el bortex por 4 minutos.
- Nuevamente se colocó en el rack magnético por 1 minuto, para rescatar el sobrenadante donde se encuentra el RNA y se colocó en un tubo nuevo.

3.5.3.2. Metodología por PCR-TR para identificar al biotipo del virus de la DVB

a) Contenido del kit

- Mezcla de cebador / sonda de poliproteína (vDVB-1) (frasco marrón) Etiqueta FAM
- Mezcla de cebador / sonda de poliproteína (vDVB-2) (frasco marrón) Etiqueta FAM.

- Patrón de control positivo de poliproteína (vDVB-1) (para curva estándar tapa roja)
- Modelo de control positivo de poliproteína (vDVB-2) (para la curva estándar tapa roja)
- vDVB-1 y vDVB-2 RT mezcla de imprimación (tapa verde).
- Agua libre de ARNasa / ADNasa (blanco), Para resuspensión de mezclas de cebador / sonda.
- Búfer de preparación de plantilla (tapa amarillo), Para resuspensión de plantillas de control positivo y preparación de curva estándar.

b) Para el análisis

Se uso un kit de OasigTM Lyophilised OneStep 2x qRT-PCR MasterMix.

Preparation del Mastermix (oasigTM lyophilised OneStep qRT-PCR Mastermix).

- Se resuspendió OneStep Mastermix liofilizado en 525 μ l de tampón de resuspensión lista para usar el Mastermix.
- Antes de la transcripción inversa se preparó una mezcla de reacción de acuerdo a la tabla 8.

Tabla 8

Solución para la amplificación del RNA del vDVB

Componente	Volumen
PresiciónPLUS TM 2x qPCR MasterMix	10 μ l
vDVB1 o vDVB praimer	1 μ l
Agua libre de RNase/DNase	4 μ l
Volumen final	15 μ l

- Se pipeteo 15 μ l de esta mezcla en cada pocillo de acuerdo a su configuración de la placa experimental del PCR-TR.

- Se pipeteo 5 µl de la plantilla extraída el RNA del vDVB de la muestra.
- El volumen final en cada pocillo fue de 20 µl.
- Luego se procedió a la de amplificación según protocolo tabla 9.

Tabla 9

Tiempo y temperatura para la amplificación del RNA del vDVB

Ciclos	Paso	Tiempo	Temperatura
50	Tratamiento (UNG)	15 minutos	37 °C
	Activación de la enzima	2 minutos	95 °C
	Desnaturalización	10s	95°C
	Colección de datos	60s	60°C

La lectura se realizó en el equipo de PCR en Tiempo Real (StepOnePlus™ Real-Time PCR System with Laptop), Modelo: tepOnePlus™ Código: 4376598 Marca: Applied Biosystems® Procedencia: United States.).

3.5.3.3. Especificaciones técnicas de la prueba

Criterios de la prueba de la amplificación viral para determinar el genotipo del vDVB:

- Negativo: Valor Ct > 35
- Positivo: Valor Ct ≤ 35

3.5.3.4. La Prevalencia (P) de animales positivos a anticuerpos contra el vDVB se obtendrá mediante la fórmula (Pita *et al.*, 2004)

$$P = \frac{n^{\circ} \text{ de muestras positivas}}{n^{\circ} \text{ total de muestras}} \times 100$$

3.5.3.5. El intervalo de confianza al 95% se obtendrá por formula de

$$IC = p \pm Z \cdot \sqrt{(p \cdot q) / n}$$

Donde:

p = Prevalencia

q = Complemento de prevalencia

Z = 1.96 Nivel de confianza 95%

n = Número de muestras.

3.5.4. Estadísticas por objetivos específicos

3.5.4.1. Seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en edad y sexo en los vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta

Se utilizará Intervalo de Confianza al 95%, se obtendrá por formula de:

$$IC = p \pm Z. \sqrt{(p. q)/n}$$

Donde:

p = Prevalencia

q = Complemento de prevalencia

Z = 1.96 Nivel de confianza 95%

n = Número de muestras.

3.5.4.2. Seroprevalencia de los vacunos en edad y sexo, portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas

Se utilizará Intervalo de Confianza al 95%, se obtendrá por formula de:

$$IC = p \pm Z. \sqrt{(p. q)/n}$$

Donde:

p = Prevalencia

q = Complemento de prevalencia



$Z = 1.96$ Nivel de confianza 95%

n = Número de muestras.

3.5.4.3. Genotipo del virus de la diarrea viral bovina que está presente en las diferentes edades y sexo de los vacunos, ovino y alpacas de los rebaños de crianza mixta

No se aplicó ningún método estadístico, se identificó al genotipo del virus de la diarrea viral bovina presente en los bovinos, ovinos y alpacas. Desde el momento que empieza el ciclo umbral o cycle threshold (Ct) de amplificación de RNA del vDVB.

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina en vacunos, ovinos y alpacas de crianza mixta de las comunidades Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco

Tabla 10

Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en vacunos según clase y edad

Condición		Vista Alegre		Allhuacchuyo		Anchayaque	
Clase	Meses	n	%	n	%	n	%
Vaca	>25	43	74.42 ±13.40	35	48.57 ±11.82	32	68,75 ±11.47
Vaquilla	12 a 24	16	68.75 ±16.23	13	46.15 ±19.35	19	84.21 ±11.71
Tenera	>6	9	77.77 ±19.42	7	28.57 ±23.88	9	66.67 ±22.10
Toro	>25	10	100	10	40 ±21.68	10	90 ±13.28
Torete	12 a 24	4	90 ±13.28	3	60 ±21.68	5	70 ±20.28
Ternero	>6	92	75 ±30.31	78	33.33 ±38.09	85	80 ±25.04
Sub totales	>6		78.26±8.42		46.15±11.06		75.29±9.20
Total, Prevalencia: n= 255					67.84 ±4.12		

Como se aprecia en la tabla 10 las seroprevalencias de los vacunos en las diferentes clases de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque fue de 78.26 ± 8.42 (72/92), 46.15 ± 11.06 (36/78) y 75.29 ± 9.20 (64/85) % respectivamente, siendo la comunidad de Vista Alegre con la mayor seroprevalencia. Al análisis de las 255 muestras serológicas de vacunos mediante ELISA competitivo de las tres comunidades en las diferentes clase animal y edades, se obtuvo una seroprevalencia de $67.84 \pm 4.12\%$ (172/255), los mismos que presentaron anticuerpos contra el vDVB en todas las clases y edades de los vacunos.

La enfermedad se transmite principalmente por contacto directo por medio de las secreciones tales como la saliva, moco nasal, lágrimas y diarrea de los animales portadores (PI), enfermedad aguda y a través de la placenta de madres infectadas a su feto; también se puede transmitir a través de insectos y equipo contaminado con el virus (Quintero *et al.*, 2019); produciendo infecciones inaparentes, infecciones respiratorias, infecciones del tracto digestivo, síndrome hemorrágico, enfermedad de las mucosas, infecciones del tracto reproductivo e inmunológico y fetal, por lo que se le ha denominado “enfermedad de las mil caras” (Berríos, 2015); La mejor forma de confirmar la infección aguda por el vDVB es la observación de seroconversión en muestras pareadas secuenciales, teóricamente de varios animales del grupo. Las muestras pareadas (tomadas en las fases aguda y de convalecencia) deben tomarse con un intervalo mínimo de 21 días y los análisis deben realizarse en paralelo empleando la misma prueba, las más utilizadas son el enzimoimmunoanálisis y la prueba de neutralización del virus (OIE, 2018).

Timika, Papua del Sur, Indonesia, un área emergente para la producción de carne, al determinar la prevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vDVB). Se recogió suero de 77 bovinos de carne de cuatro aldeas y al análisis de ELISA de anticuerpos obtuvo una prevalencia de anticuerpos de vDVB en bovinos individuales en Timika de 11,7% (Nugroho *et al.*, 2020), siendo menor al presente trabajo esta diferencia se atribuiría que es en otro continente con otras realidades; en las zonas periurbanas de la ciudad de Gondar al noroeste de Etiopía, entre diciembre de 2017 y julio de 2018 con el objetivo de estimar la prevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) de un total de 339 muestras de suero mediante un kit de ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas competitivas de anticuerpos vDVB (c-ELISA) obtuvo una prevalencia de anticuerpos contra el vDVB a nivel animal de 26,84% (IC del 95%: 22,1% -31,6%) (Demil *et al.*, 2021), siendo menor al presente trabajo, esta diferencia se debería que es otro continente,

donde trabajaron en zonas periurbanas de la ciudad de Gondar; En el municipio de Oaxaca, México, en bovinos de doble propósito criados en diferentes regiones de Oaxaca. Se colectaron 2,691 muestras sanguíneas de 127 hatos de bovinos y mediante ELISA indirecta. El 33,2% (IC95 31,4, 35,0%) de los animales presentaron anticuerpos contra el vDVB en los bovinos muestreados. En la región Costa se observó el mayor porcentaje de animales con anticuerpos DVB.(Gutiérrez *et al.*, 2020) siendo menor al presente trabajo la diferencia se atribuiría por ser otro país de centro América y en vacunos de doble propósito con mayor prevalencia en la costa; Boyacá - Colombia municipio de Tuta, se estableció la positividad al virus de diarrea viral bovina (vDVB) en vacas, se tomaron 374 muestras de sangre y mediante la prueba ELISA indirecta encontró una seroprevalencia del 41,7 % (González *et al.*, 2021), siendo menor al presente trabajo la diferencia se atribuiría por ser otro país de América del sur con diferentes formas de manejo y control y solo se trabajó en vacas; En la región de Ayacucho en los distritos de Chumpi, Coracora y Pullo, al determinar la seroprevalencia de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) de 460 muestras de sangre de bovinos de ambos sexos y mayores de cuatro meses, de comunidades campesinas con manejo extensivo y mediante ELISA indirecta. El $82.56 \pm 3.44\%$ (367/460) de los animales presentaron anticuerpos contra el vDVB (Arbulú & Moralesi, 2021), siendo mayor al presente trabajo esta diferencia se debería a la presencia de vacunos PI al vDVB en un mayor número, sin control de movilidad de ganado, IA sin certificado de sanidad; En la sierra central, Región Junín, Perú, en fundos ganaderos de dos estaciones experimentales de la Universidad Nacional del Centro, se determinó la seroconversión de diarrea viral bovina (DVB), utilizo 111 bovinos Brown Swiss del establo de la EEA El Mantaro y 39 bovinos Holstein de la GA de Yauris y mediante la prueba de ELISA indirecta detecto en la EEA el Mantaro una prevalencia de animales de 73.5%, la dinámica de seroconversión en el ható fue creciente en el tiempo y para la GA Yauris, la prevalencia de animales promedio de DVB fue 16.67%, la dinámica de seroconversión fue estable en el tiempo. (Villar *et al.*, 2020), siendo mayor al presente trabajo en el centro experimental de EEA el Mantaro de la universidad esta diferencia se debería a la presencia de vacunos PI al vDVB y que va creciendo con el tiempo; no siendo así en el otro centro experimenta GA Yauris de la Universidad se debería al tipo de manejo; En cuatro provincias que conforman el Valle del Mantaro, Región Junín, Perú, determinó la seroprevalencia de la diarrea viral bovina (DVB) de 425 muestras de sangre de vacunos de 37 hatos y mediante la técnica de ELISA, fue de 66.3% (Arauco & Lozano, 2018) siendo similar al presente trabajo; En cinco

distritos de la provincia de Anta, Cusco, Perú al determinar anticuerpos contra el virus de la diarrea viral (vDVB) en bovinos, según raza y edad. Se tomaron muestras de suero de bovinos hembras (n=1135) y machos (n=57) de 262 pequeños ganaderos y una comunidad ganadera mediante la prueba de ELISA indirecta. El 50.8% de las hembras y 43.9% de los machos tuvieron anticuerpos contra el vDVB (Valdez *et al.*, 2018), siendo menor al presente trabajo la diferencia se debería al tamaño de muestra y es otra provincia del Cusco; en la Comunidad de Huisacollana del Distrito de Yauri, Provincia de Espinar – Cusco; la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown swiss, según estado productivo, sexo y clase animal, en 119 animales por serología y mediante la prueba de Inmunoabsorcion Ligada a Enzima (ELISA) obtuvo una seroprevalencia general de 58.8%. (Huacasi, 2018) siendo menor al presente trabajo la diferencia se debería al tipo de manejo por ser vacunos Brown swiss; en el Centro de Investigación y Producción Chuquibambilla UNA – Puno, la frecuencia de anticuerpos contra la diarrea viral bovino (DVB) en vacas Brown Swiss, Criollo, Charoláis y Aberdeen Angus, mediante la prueba de inmunoabsorcion ligada a enzimas ELISA, de 79 vacunos obtuvo una seroprevalencia general de 44.3% (Yana, 2018); en el mismo Centro de Investigación y Producción de Chuquibambilla (CIP) de la Universidad Nacional del Altiplano de Puno, al determinar la seroprevalencia de la Diarrea viral bovina (vDVB) de 90 bovinos hembras de las razas Brown Swiss, Charoláis y Aberdeen Angus y mediante el método de ELISA obtuvo una seroprevalencia general de $34,44 \pm 0,098$ % (Soto, 2018), ambos trabajos son menores al presente trabajo esta diferencia se debería al tipo de manejo que se les brinda en las diferentes razas y es de otra región; en el distrito de Paucarcolla- Puno, la seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en la raza Brown swiss de 91 muestras serológicas de vacunos con el método de Elisa indirecta, obtuvo un 60.44 % de seroprevalencia general (Choquenaira, 2018), es menor al presente trabajo, esta diferencia se atribuiría al tipo de manejo en los vacunos Brown swiss y es otra región; en el distrito de Vilque situada en la zona noroeste de la región de Puno, la seroprevalencia del virus de Diarrea Viral Bovina (vDVB) en 90 vacunos de la raza Brown swiss y mediante el método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 65.56% (59/90) (Huaylla, 2018), es casi similar al presente trabajo; en el distrito de Azángaro-Puno, la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown Swiss de 91 muestras sanguíneas procedentes de diferentes hatos lecheros y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 32.97 % (Paredes, 2018), siendo menor al presente trabajo,

esta diferencia se debería a la presencia de vacunos en fase aguda o convalecencia y es otra región; en tres comunidades del distrito de Taraco - Puno, la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) de 90 vacunos de la raza Brown Swiss y mediante el método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 68.89% (Quispe, 2018), siendo similar al presente trabajo; en el distrito de Pomata provincia de Chucuito – Puno; la seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina en vacunos de la raza Brown Swiss de 87 muestras de sangre y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de 75.90% (66/87) (Alvarez, 2020), siendo mayor al presente trabajo, esta diferencia se podría atribuir la presencia de vacunos PI al vDVB, manejo, movilidad de animales sin control sanitario, frontera y otra región; en el distrito de Macari, provincia de Melgar, departamento de Puno, la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vDVB) en vacunos Brown Swiss de 85 muestras sanguíneas y mediante método de ELISA indirecta obtuvo una seroprevalencia general de fue de 42.35 %.(Mamani, 2021), siendo menor al presente trabajo, la diferencia se atribuiría que es otra región, manejo de vacunos Brown swiss; en la cuenca lechera de San Juan y Larimayo del Distrito de Antauta, Provincia de Melgar – Puno, la seroprevalencia del virus de la Diarrea Viral Bovina (vBVD) en vacunos Brown swiss, de 180 muestras sanguíneas y mediante la prueba de Inmuno absorción Ligada a Enzima (ELISA), obtuvo una seroprevalencia general del vDVB de 52.22%(Turpo, 2021), siendo menor al presente trabajo, la diferencia se atribuiría que es otra región, manejo de vacunos Brown swiss, tránsito de animales sin control sanitario, exhibición o ferias ganaderas.

Tabla 11

Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en ovinos según clase y edad

Condición		Vista Alegre		Allhuacchuyo		Anchayaque	
clase	Meses	n	%	n	%	n	%
Borrega	>18	39	7.69 ±8.00	40	7.25±8.16	39	2.56±2.60
Borreguilla	5 a 17	26	0	25	0	27	0
Carnero	>18	12	8.33 ±15.18	15	0	12	0
Carnerillo	5 a 17	15	0	12	0	10	0
Sub totales		92	4.35 ±4.14	92	3.26 ±3.40	88	1.25±2.00
Total, Prevalencia: n= 272					2.94 ± 2.00		

Como se aprecia en la tabla 11, la seroprevalencia total de los ovinos de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque es de 4.35 ± 4.14 (4/92), 3.26 ± 3.40 (3/92) y 1.25 ± 2.00 (1/88) % respectivamente, siendo la comunidad de Vista Alegre con mayor prevalencia. Al análisis de las 272 muestras serológicas de ovinos mediante ELISA competitiva de las tres comunidades en las diferentes clases y edades, se obtuvo una seroprevalencia total de 2.94 ± 2.00 % (8/272), los que presentaron anticuerpos contra el vDVB. Donde las borregas y un carnero presentaron la mayor seroprevalencia. Esta diferencia frente a las otras categorías posiblemente se deba, que estos animales tienen mayor oportunidad de infección en comparación a animales de menor edad lo que podría indicar la persistencia de los anticuerpos en el animal o posibilidades de reinfecciones por el vDVB, o anticuerpos neutralizantes inducidos por virus de campo que permanecen por mucho tiempo o por toda la vida del animal.

En ovejas seronegativas en edad de gestación por contagio del vDVB entre 59 y 69 días, causa graves pérdidas reproductivas o nacen cordero PI viable y en las borregas no hay cambios clínicos observables con temperaturas normales o marginalmente altas, siendo estas seropositivas (Evans *et al.*, 2017), siendo mayor al presente trabajo, la diferencia se atribuiría porque todas las ovejas fueron infectadas con la cepa predominante del vDVB australiano vDVB-1c de ganado vacuno PI; al inocularse 23 ovejas preñadas seronegativas con 2 ml de suero de una vaca PI a vDVB. En estas ovejas se observaron graves pérdidas reproductivas, incluidas bajas tasas de partos y un alto número de muertes de corderos jóvenes y también se produjo un cordero PI en este ensayo. Las 23 ovejas fueron seropositivas. En el mismo ensayo, nueve ovejas sin experiencia con el vDVB se mezclaron con tres terneros PI con vDVB en un potrero de 1500 metros cuadrados durante cuatro semanas. La transmisión de la infección según lo indicado por seroconversión ocurrió en cuatro de nueve madres durante un período de mezcla de cuatro semanas. Los ensayos sugieren que el potencial de infección por vDVB derivado de vacuno existe y debe tenerse en cuenta. El ganado parece ser el principal hospedador natural (Evans *et al.*, 2015), siendo mayor al presente trabajo, esta diferencia se atribuiría que las ovejas fueron inoculadas con cepa australiana local de vDVB (Tipo 1c) de un ganado vacuno PI y a su vez se mezcló con vacunos PI; en ovejas que albergan anticuerpos de *Pestivirus* (probablemente debido a una exposición previa al vDVB) fueron expuestos a virus similares a HoBi, ya sea por inoculación directa (GIn) o por contacto con terneros infectados persistentemente con virus similares a HoBi virus (GEx). Se observó evidencia

de transmisión del virus similar a HoBi en ovejas con títulos neutralizantes moderados a altos preexistentes contra el vDVB, no impidieron la replicación y la diseminación viral, además las ovejas con anticuerpos positivos, pueden ser infectados por un virus similar a HoBi a través de un ternero infectado de forma persistente (Bauermann *et al.*, 2015); Se infectaron experimentalmente 10 ovejas en diferentes etapas de gestación (30 o 50 días) con el *Pestivirus* similares a HoBi para bovinos, la inoculación del virus resultó en fallas reproductivas, que consistieron en abortos, mortinatos o nacimiento de corderos débiles o persistentemente infectados (PI). Los fetos abortados, los mortinatos y los corderos muertos mostraron grandes cambios histopatológicos, que consistieron en hemorragias, congestión e infiltración mononuclear en los órganos principales. Se detectaron antígenos pestivirales mediante inmunohistoquímica en la mayoría de los tejidos con señales notables en pulmones y riñones. Los corderos PI eran constantemente virémicos, diseminaban el virus a través de las secreciones nasales y las heces y, en todos los casos menos uno, no tenían anticuerpos *Pestivirus* similares a HoBi detectables antes de la asunción del calostro. El único cordero infectado seropositivo mostró viremia de títulos bajos y excreción viral que cesó solo varias semanas después del período de observación de 3 meses (Decaro *et al.*, 2015), en ambos trabajos es superior al presente trabajo, esta diferencia se debe que fueron inoculados con cepas de tipo HoBi, en el primero con presencia de anticuerpos contra el vDVB y el segundo seronegativos; en Indonesia, particularmente en Java Central. Con el objetivo de estudiar la posible aparición de infecciones por *Pestivirus* (vDVB o BVD) en pequeños rumiantes. Utilizó 46 muestras de sangre que constan de 26 sangre de oveja y 20 de cabra y mediante un ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas de anticuerpos competitivos, seguido de un análisis de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) para todas las muestras positivas para diferenciar las especies de *Pestivirus*. Resultando dos de las 20 muestras recolectadas de cabras fueron positivas para *Pestivirus* a niveles serológicos y moleculares, mientras que 2 de las 26 muestras recolectadas de ovejas fueron dudosas (Hidayat *et al.*, 2021), siendo mayores al presente trabajo, esta diferencia podría deberse que el estudio es de otro continente con otras realidades; en Nevada EEUU. se infectaron experimentalmente ovejas con vDVB-2 NCP en tres etapas diferentes de gestación. De las 19 ovejas infectadas a los 50-60 días de gestación, hubo una pérdida fetal del 77%. Los corderos que nacieron vivos fueron positivos para vDVB al nacer y fueron negativos para anticuerpos después de que los anticuerpos maternos disminuyeron, lo que confirma el estado de PI. De las ovejas infectadas a los 65-70 días de gestación, la pérdida por

muerte fue del 66,6% y los corderos vivos fueron virus negativos y anticuerpos positivos, lo que demuestra una respuesta inmune adecuada a la viremia en el útero. Las ovejas infectadas con vDVB a los 120-125 días de gestación dieron a luz un cordero sano con virus negativo y anticuerpos positivos (Danielle *et al.*, 2016), siendo superior al presente trabajo debido que las ovejas en diferentes tiempos de gestación fueron inoculadas experimentalmente con NCP BVDV-2 y por motivo de investigación; en Argelia se realizó un estudio entre 2015 y 2016 para determinar la seroprevalencia de la enfermedad en los rebaños. Se visitaron 56 rebaños de nueve departamentos y se recolectaron 689 muestras de sangre de ovinos y mediante la prueba de ELISA, obtuvo una seroprevalencia basada en la sensibilidad y especificidad estimada de 68,20% IC del 95%; 60,2-76,3 (Feknous *et al.*, 2018), es superior al presente trabajo, se podría atribuir la presencia de ovinos PI o la presencia de vacunos PI y por ser otro continente; en el mismo país de Argelia de un resumen completo sobre la prevalencia de diferentes enfermedades abortivas en las que se recopilaron datos de 25 artículos publicados entre 2003 y 2020, con un tamaño medio total de la muestra de 53.080 pequeños rumiantes y se diagnosticaron mediante pruebas serológicas y moleculares. La enfermedad de la frontera y la diarrea viral bovina se detectaron en 22,68% y el 1,01% de las ovejas examinadas, respectivamente (Haif *et al.*, 2021), es inferior al presente trabajo, se podría atribuir a la recopilación de varios artículos desde el año 2003 al 2020; EEUU, Colorado de las Montañas Rocosas en el borrego cimarrón en cautiverio 14 de 28 (50%) borregos cimarrones desarrollaron diarrea hemorrágica y 6 de 28 (21%) borregos cimarrones murieron. Los 6 borregos cimarrones que murieron dieron positivo en la PCR-TR en tiempo real para el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en múltiples tejidos (Fox *et al.*, 2019), es mayor al presente trabajo, esta diferencia se podría atribuir que son borregos en cautiverio y podrían convivir con otras especies y otro país; En Perú, en la sierra central, se determinó la frecuencia de la diarrea viral bovina (vDVB) en ovinos reproductores. Se colectaron muestras de sangre de ovinos reproductores hembras (n=165) y machos (n=165) aparentemente sanos, con un promedio de edad de cuatro años, y criados en forma extensiva y mediante la prueba de neutralización viral. El $2.1 \pm 1.5\%$ (7/330) de ovinos reproductores tuvieron anticuerpos contra el vDVB (Llancares *et al.*, 2012), es similar al presente trabajo; en el continente Africano en el país de Botswana, han realizado varios estudios de prevalencia en cabras. Se obtuvieron muestras de sangre de 100 cabras propiedad de 11 pequeños agricultores, en tres pueblos diferentes en las afueras de Gaborone y mediante la prueba de ELISA, la prevalencia de anticuerpos

detectados fue del 0% en cabras (Lysholm, 2016), es inferior al presente trabajo puesto que no existe el vDVB en las cabras; en Guatemala en el hato caprino de la granja experimental de la Facultad de Medicina Veterinaria de Zootecnia se determinó la presencia de diarrea viral bovina (DVB), tomando en cuenta la cercanía de estos animales con otras especies susceptibles al virus como ganado bovino y la capacidad de este para cruzar la barrera entre especie con facilidad. Se tomo muestras sanguíneas de 42 caprinos, donde se analizó el suero por medio de la prueba de ELISA indirecto de competición, determinando que el 100% de las muestras fueron negativas a la presencia de anticuerpos contra vDVB (Gudiel, 2019), es inferior al presente trabajo puesto que no existe el vDVB en las cabras; cuatro provincias del departamento de Lima, Perú, con el fin de determinar anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en muestras de suero de caprinos adultos, hembras y machos, de crianza estabulada, semi-extensiva y trashumante, se tomaron 754 muestras sanguíneas de 89 criadores, mediante la prueba de neutralización viral. El 1.2% (9/754) de las muestras presentaron anticuerpos contra el vDVB. Las muestras serorreactoras fueron de cabras de crianza trashumante de las provincias de Canta y Huaura (Benito, *et al.*, 2018), es inferior al presente trabajo, esta diferencia se atribuiría por ser otra especie y solamente se encontró en caprinos trashumante, que podrían estar en contacto con otras especies especialmente con ganado vacuno.

Tabla 12

Seroprevalencia de Anticuerpos contra el vDVB en alpacas según clase y edad

Condición		Vista Alegre		Allhuacchuyo		Anchayaque	
Clase	Meses	n	%	n	%	n	%
Madre	>18	27	11.81 ±8.43	24	8.33 ±10.85	22	9.09 ±8.95
Tui hembra	>6	9	11.11 ±14.60	10	0	10	0
Padrillo	>18	9	11.11±14.60	9	0	10	10 ±13.28
Tui macho	>6	6	0	6	0	6	0
Sub totales		51	9.8±2.74	49	4.08 ±5.48	48	6.25 ±6.71
Total, Prevalencia: n= 148					6.76 ±3.82%		

Como se aprecia en la tabla 12, la seroprevalencia total de las alpacas a vDVB de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque es de 9.8 ± 2.74 (5/51), 4.08 ± 5.48 (2/49), y 6.25 ± 6.71 (3/48) % respectivamente, siendo la comunidad de Vista Alegre con mayor prevalencia. Al análisis de las 148 muestras serológicas de alpacas mediante ELISA competitivo de las tres comunidades en las diferentes clases y edades, se obtuvo una seroprevalencia de 6.76 ± 3.82 (10/148) %, los que presentaron anticuerpos contra el vDVB; donde las madres y los padrillos presentaron la mayor seroprevalencia. Esta diferencia frente a las otras categorías posiblemente se debe a que estos animales tienen mayor oportunidad de infección en comparación a animales de menor edad lo que podría indicar la persistencia de los anticuerpos en el animal o posibilidades de reinfecciones por el vDVB, o estos anticuerpos neutralizantes inducidos por virus de campo permanecen por mucho tiempo o por toda la vida del animal. La evidencia clínica demuestra que las alpacas pueden contraer y diseminar el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) (Johnson *et al.*, 2010).

Una vaquilla PI con cuatro alpacas se mezclaron durante 2 semanas, y posterior a estas se analizó el suero por ELISA en donde cuatro alpacas fueron positivas para anticuerpos específicos a vDVB entre 35 y 54 días después de mezclarse con la vaquilla vDVB -1c PI. Este estudio mostró que la infección en las alpacas australianas ocurre fácilmente con un bovino PI con el vDVB-1 cuando se mezcla con alpacas seronegativas y que las infecciones agudas son clínicamente leves e indetectables. (Evans *et al.*, 2018), siendo superior al presente trabajo se debe que fueron mezclados con vacuno PI, y trabajo de investigación; estos muestran signos clínicos como enfermedad tal, diarrea, afecciones respiratorias y abortos. Al igual que en los bovinos (Wernery, 2012); en el sur de Australia, se realizó un estudio de prevalencia serológica para vDVB de una población regional combinada de 1308 alpacas. Con una muestra de 182 alpacas, al análisis serológico de anticuerpos contra DVB mediante un kit ELISA competitivo. De las 182 alpacas muestreadas, 5 animales ubicados en tres propiedades fueron positivos para anticuerpos contra el vDVB, lo que constituye una prevalencia de 2.7% intervalo de confianza del 95% 1-6% (Cockcroft *et al.*, 2015), siendo inferior al presente trabajo, esta diferencia se debería que es de otro continente al tipo de manejo y al control de la enfermedad; en la provincia de Shanxi en el norte de China, con el objetivo de evaluar la seroprevalencia de anticuerpos contra vDVB. Se obtuvieron muestras de suero de 246 alpacas y mediante el ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas competitivo. La

seroprevalencia general contra el vDVB fue del 3,25% IC del 95%: 1,03–5,47 (Liu *et al.*, 2021), siendo inferior al presente trabajo esta diferencia se podría atribuir por ser otro continente muy diferente al nuestro en manejo y control de la enfermedad; en un zoológico chileno con antecedentes de abortos, se tomó muestras de sangre de 3 guanacos, 5 llamas y 17 alpacas, y mediante la detección de anticuerpos neutralizantes contra vDVB, se detectó que tres alpacas y un guanaco eran seropositivos (Salgado *et al.*, 2018) siendo mayor al presente trabajo, esta diferencia se debería a la presencia de estas alpacas en un zoológico y conjuntamente con otras especies; en dos provincias (Laghouat y Ghardaia) en Argelia, el estudio se realizó para investigar la presencia de infección por el virus de la diarrea viral bovina (vDVB) en dromedarios (*Camelus dromaderius*). En total, se recolectaron 111 sueros de camellos y mediante ELISA, La tasa de seropositividad fue del 9,0% para el anticuerpo específico del vDVB (Saidi *et al.*, 2018), siendo superior al presente trabajo, la diferencia se atribuiría que son camellos donde es originario; en Sudan y Egipto como parte de un plan futuro para un programa nacional de vigilancia en Egipto, se diseñó para investigar la situación epidemiológica actual de la infección por el virus de la diarrea viral bovina (vDVB). Se recolectaron un total de 200 muestras de sangre de camello (120 provenientes del “contrabando” de Sudán y 80 de la zona local) y mediante técnicas de diagnóstico serológico sesenta y seis de los 200 camellos (33%) dieron positivo para anticuerpos del vDVB, Por otro lado, la seroprevalencia de vDVB para anticuerpos fue de 47.5% en camellos que son de contrabando que provenientes de Sudán y los que son de la zona local fue del 11,2% para vDVB (Bahgy *et al.*, 2018), siendo muy superior al presente trabajo, esta diferencia se podría atribuir que es en camellos siendo originarios de estas regiones y poseer camellos PI ; en la provincia de Aydin, Turquía occidental, con el objetivo de investigar serológicamente la presencia del virus de la diarrea viral bovina (vDVB). Se tomaron 92 muestras de suero de camellos clínicamente sanos que se mantenían en granjas privadas o se llevaban a los mataderos locales, mediante la prueba de neutralización viral el 58,7% (54/92) fueron seropositivos para vDVB, concluyendo que la infección viral es común entre los camellos en Turquía occidental (Erol *et al.*, 2020), Siendo muy superior al presente trabajo, esta diferencia se podría deberse que son camellos, originarios del lugar, poseer camellos PI a vDVB o estar en contacto con vacunos PI a vDVB.

Tabla 13

Seroprevalencia de anticuerpos contra el vDVB en crianza mixta de tres especies según comunidad

Especie	Vista Alegre		Allhuacchuyo		Anchayaque		Prevalencia	
	n	%	n	%	n	%	n	%
Bovino	92	78.26±8.42	78	46.15±11.06	85	75.29±9.20	255	67.48 ±4.12
Ovino	92	4.35 ±4.14	92	3.26 ±3.40	88	1.25±2.00	272	2.95 ±1.66
Alpaca	51	9.8±2.74	49	4.08 ±5.48	48	6.25 ±6.71	148	6.76 ±3.82
Totales	235	34.46±4.32	219	17.83±3.55	221	27.6±4.18	675	28.14 ±3.38
Total, Prevalencia: n= 675					28.14 ±2.41%			

En la tabla 13 se aprecia las seroprevalencias de los vacunos, ovinos y alpacas de las tres comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque en: 34.46 ± 4.32 (81/235), 17.83 ± 3.55 (41/219) y 27.6 ± 4.18 (68/221) % respectivamente; al análisis de las 675 muestras serológicas de vacunos, ovinos y alpacas mediante ELISA por competencia de las tres comunidades, se obtuvo una seroprevalencia de 28.14 ± 3.38 (190/675) % los que presentaron anticuerpos contra el vDVB, esto nos indica que en las tres especies de crianza mixta está presente el virus de la diarrea viral bovina, puesto que hubo una reacción antígeno anticuerpo, se podría atribuir que los vacunos son los transmisores del vDVB, ya que el virus traspasa de especie a especie sin que haya barreras que lo impidan y por la forma de crianza. Una de ellas es debido que el ganado criado en pastizales comunes que se convierte en una fuente de contagio del virus (Milićević *et al.*, 2018); las cepas del vDVB son principalmente del ganado bovino, que puede producir la transmisión entre especies cuando se tiene contacto directo con ovejas, cabras, a su vez la infección de hembras de pequeños rumiantes por el vDVB puede dar lugar a pérdidas reproductivas y al nacimiento de animales IP. Se han registrado infecciones por el vDVB en camélidos tanto de América como de Europa.(OIE, 2018); al inocular por vía subcutánea con 2 ml de suero con una cepa australiana local de vDVB (Tipo 1c) de una vaca persistentemente infectado PI a 23 ovejas preñadas. En estas ovejas se observaron graves pérdidas reproductivas, incluidas bajas tasas de partos, un alto número de muertes

de corderos jóvenes y un nacimiento de un cordero PI que murió a los 15 días. Por otro lado, se mezclaron nueve ovejas sin experiencia al vDVB con tres terneros PI con vDVB en un potrero de 1500 metros cuadrados durante cuatro semanas. La transmisión de la infección, según lo indicado por la seroconversión ocurrió en cuatro de nueve madres durante un período de mezcla de cuatro semanas. sugieren que existe el potencial de infección por vDVB derivado del vacuno al ovino (Evans *et al.*, 2015); al infectarse ovejas gestantes con vDVB -Tipo 1c de un ternero PI por inoculación, entre los 59 y 69 días de gestación, causó graves pérdidas reproductivas y un cordero PI viable, pero en las borregas no hubo cambios clínicos observables, si hubo seroconversión, en donde el autor recomienda que debe evitarse el contacto cercano entre bovinos y ovejas cuyo estado de vDVB se desconoce durante los períodos de unión y gestación. (Evans *et al.*, 2017); hay que prestar especial atención a la convivencia de los bovinos que son trasmisores a otras especies animales, como ovejas, cabras, camélidos, etc., que pueden ser reservorios de vDVB en particular y de otros Pestivirus (Pecora & Perez, 2017); En Argelia, los dromedarios (*Camelus dromaderius*) mezclados con ovejas y cabras, se encontró que el 41,4% de los camellos analizados dieron positivo al antígeno del vDVB. Los resultados indican que los camellos podrían representar una fuente importante de infección a todos los rumiantes, incluidos bovinos, ovinos y caprinos que se crían en rebaños mixtos, ya que tienen tasas de prevalencia de vDVB más altas (Saidi *et al.*, 2018).

4.2. Seroprevalencia en vacunos según clase y edad, como portadores del virus de la diarrea viral bovina (PI) en los rebaños de la crianza mixta

Tabla 14

Seroprevalencia de vacunos persistentemente infectados (PI), en los rebaños que se crían conjuntamente con los ovinos y alpacas

Condición		Vista Alegre		Allhuacchuyo		Anchayaque	
Clase	Meses	n	%	n	%	n	%
Vaca	>25	43	2.33 ±8.98	35	2.86±10.65	32	3.13 ±11.44
Vaquilla	12 a 24	16	0	13	0	19	0
Ternera	>6	9	11.11 ±14.16	7	0	9	0
Toro	>25	10	0	10	0	10	0
Torete	12 a 24	10	0	10	0	10	0
Ternero	>6	4	0	3	0	5	0
Sub totales		92	2.17±2.86	78	1.28 ± 2.20	85	1.18±2.11
Total, Prevalencia: n= 255					1.57 ±1.22		

En la tabla 14, se aprecia las seroprevalencias de los vacunos persistentemente infectados (PI), de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque en: 2.17 ± 2.86 (2/92), 1.28 ± 2.20 (1/78) y 1.18 ± 2.11 (1/85) % respectivamente. En las tres comunidades existen vacunos portadores del vDVB (PI), El 36.89 % (83/255) de las muestras fueron positivas a antígeno del vDVB en un primer análisis. Las muestras positivas a antígeno del vDVB provinieron de animales de 6 meses hasta mayores de 25 meses de ambos sexos. Los 83 animales cuyas muestras resultaron positivas al vDVB 30 días después y el segundo análisis realizado en estas muestras determinó que 4 de los 83 (4.82%) animales continuaron siendo positivos al vDVB y, por tanto, eran animales PI. La seroprevalencia de animales PI en la población de animales seronegativos muestreados de las tres comunidades es de 1.57 ± 1.22 % (4/255). Los animales son 3 vacas y una ternera. (tabla 14), especialmente en vacas mayores de 25 meses de edad, en donde se puede presumir que los ovinos y alpacas que tuvieron anticuerpos contra el vDVB y que se crían conjuntamente con los vacunos se han infectado con los bovinos PI. Siendo el vacuno el huésped principal y trasmisor del vDVB (Hidayat *et al.*, 2021). Los 79 bovinos restantes que resultaron negativos en el segundo análisis fueron considerados animales con infección aguda y virémicos.

Los animales que nacen infectados persistentemente (IP) con vDVB se consideran los reservorios virales primarios en los rebaños de ganado y son capaces de esparcir grandes cantidades de virus al medio ambiente. (Stephenson *et al.*, 2017), estos pueden causar también infecciones tanto agudas como persistentemente infectados PI en el ganado. La exposición a animales infectados persistentemente (PI) al vDVB da como resultado la transmisión del virus a un animal sin experiencia, lo que provoca una infección aguda transitoria. Si bien se sabe que la exposición directa a animales IP es un medio de transmisión altamente eficaz (Falkenberg *et al.*, 2018). El animal infectado persistentemente (PI) se considera importante para mantener el vDVB en la naturaleza y como fuente primaria de virus para otros bovinos. está reportado que estos animales eliminan entre 1 y 10 millones de partículas virales infecciosas por mililitro de fluido corporal por día, y sabiendo que se estima que solo se requieren 10 partículas para infectar a otro animal, es indiscutible la eficacia de estos animales en perpetuar la infección en los rodeos. (Pecora, 2017), son el factor clave de la persistencia de la enfermedad tanto a escala de rebaño como a nivel nacional. (Iotti *et al.*, 2019); Las vacas que se infectan durante el primer trimestre de gestación pueden dar a luz terneros infectados

persistentemente (IP), que son altamente infecciosos durante toda su vida, debido a la falta de respuesta inmune al virus (Odeon & Pasquale, 2016; Iotti *et al.*, 2019), excretan grandes cantidades de virus con la orina, las heces, secreciones corporales, leche y el esperma (OIE, 2018), pueden cruzar barreras de especie con relativa facilidad e infectar a otras especies domesticas como son vacas, cerdos, ovejas, cabras, camélidos y otros rumiantes artiodáctilos (Deng *et al.*, 2018). La infección se transmite principalmente por contacto con animales PI (Thulke *et al.*, 2018), que transmitirán constantemente el virus a los animales sanos y recién nacidos (Quintero *et al.*, 2019), se debe evitar el contacto cercano entre bovinos PI a las ovejas (Evans *et al.*, 2017).

En un metanálisis de efectos aleatorios para estimar las prevalencias mundiales del virus de la diarrea viral bovina (BVDV) de animales y rebaños infectados persistentemente (PI), virémicos (VI) y anticuerpos positivos (AB), cubrió 325 estudios en 73 países entre 1961 y 2016 se analizaron 6,5 millones de animales y 310.548 rebaños para detectar infecciones por vDVB en la población bovina mundial. Las prevalencias de PI agrupadas en todo el mundo a nivel animal variaron: baja ($\leq 0,8\%$ en Europa, América del Norte, Australia), media ($> 0,8\%$ a $1,6\%$ en Asia oriental) a alta ($> 1,6\%$ en Asia occidental). Las prevalencias de PI en Europa disminuyeron con el tiempo, mientras que la prevalencia de vDVB aumentó en América del Norte. Las prevalencias de PI combinadas medias más altas a nivel animal se identificaron en países que no habían implementado ningún programa de control y / o erradicación del vDVB (incluida la vacunación) (Scharnböck *et al.*, 2018), en comparación al presente trabajo es similar con Asia Occidental; en la prefectura de Ibaraki de Japón, se recogieron 9016 sueros de 377 granjas del cual 302 granjas resultaron ser positivas a anticuerpos, estas muestras de suero se analizaron posteriormente para detectar el vDVB mediante ELISA tipo sándwich (IDEXX BVDV ag ELISA, Japón), los bovinos con antígeno positivo al vDVB se volvieron a analizar después de 3 semanas, y los bovinos con antígeno positivo en ambas pruebas se diagnosticaron como bovinos PI. Identificándose 44 bovinos PI en 22 granjas de las 377 granjas, el 5.8% de las granjas tuvieron animales PI. (Akagami *et al.*, 2020), siendo superior al presente trabajo la diferencia se debería que es a nivel de granjas mas no a nivel animal, siendo superior el presente trabajo a nivel animal y es en otro país en donde existe control de la enfermedad; al sureste de los Estados Unidos al evaluar si los bovinos de peso corporal más liviano tendrían una mayor prevalencia de infección persistente por el vDVB que los bovinos de mayor peso. Se recogieron biopsias de piel

(muecas en las orejas) y mediante el análisis inmunohistoquímica se detectaron veinticuatro terneros positivos para vDVB en una muestra de 7.544 terneros. La prevalencia general de IP de vDVB en terneros reproductores muestreados se midió en 0.318%. los terneros que pesan menos de 180 kg tuvieron una mayor prevalencia de PI del vDVB con una probabilidad 2,78 veces mayor de ser animales PI en comparación con los terneros de más de 180 kg (Stephenson *et al.*, 2017), siendo superior el presente trabajo, esta diferencia se podría deber por ser otro país y existe control de la enfermedad a nivel de propietario y vacunación; en cinco regiones diferentes de Colombia se determinó la prevalencia de animales infectados persistentemente por diarrea viral bovina en bovinos colombianos, se consideró un tamaño de muestra de 260 animales y solo se incluyeron en el estudio animales seronegativos mediante técnicas de RT-PCR y se confirmaron mediante secuenciación. Se encontró una prevalencia del vDVB del 7% en animales y del 22% en granjas, Este es el primer informe en Colombia con tasas de prevalencia más altas en comparación con otros lugares del mundo.(Quintero *et al.*, 2019), siendo inferior el presente trabajo, esta diferencia se debería que no existe un control contra el vDVB, libre tránsito de animales, manejo sanitario deficiente y por ser otro país; cuatro provincias que conforman el Valle del Mantaro, Región Junín, Perú; se determinó la seroprevalencia de la diarrea viral bovina (DVB) así como la presencia de animales persistentemente infectados en hatos lecheros, se tomaron 425 muestras de sangre de animales de 37 hatos y mediante la técnica de ELISA Ag, se obtuvo una prevalencia de animales PI al vDVB en 5.8% (Arauco & Lozano 2018), siendo superior al presente trabajo, esta diferencia se atribuiría que no existe control contra la enfermedad, tránsito de animales, falta de manejo sanitario; en la provincia de Anta, Cusco, Perú, al identificar bovinos persistentemente infectados (PI) y el genotipo del virus de la diarrea viral (vDVB) en bovinos de pequeños ganaderos de cinco distritos, resultaron seronegativos a anticuerpos contra el vDVB (n=558) en un estudio previo de bovinos Holstein, Brown Swiss y criollos hembras de varias edades y mediante la prueba de ELISA de captura, la prevalencia de los animales PI con el virus de la DVB fue de 2.2% (Valdez, *et al.*, 2018), siendo superior al presente trabajo, esta diferencia se debería que falta control en tránsito de animales y control sanitario; En la sierra central, Región Junín, Perú, en fundos ganaderos de dos estaciones experimentales de la Universidad Nacional del Centro, se determinó la presencia de animales persistentemente infectados (PI) con el virus de DVB, utilizo 111 bovinos Brown Swiss del establo de la EEA El Mantaro y 39 bovinos Holstein de la GA de Yauris y mediante la prueba de ELISA de captura detecto

en la EEA El Mantaro una prevalencia de animales PI de 5.4% y para la GA Yauris, la prevalencia de animales PI fue 2.78%. (Villar *et al.*, 2020), siendo superior al presente trabajo, en los dos centros experimentales de la Universidad Nacional del Centro, esta diferencia se debería que no existen programas sanitarios de control y vacunación contra esta enfermedad.

4.3. El genotipo del virus de la diarrea viral bovina en vacunos, ovino y alpacas de crianza mixta según clase y edad del distrito Santo Tomas, provincia Chumbivilcas, Región Cusco

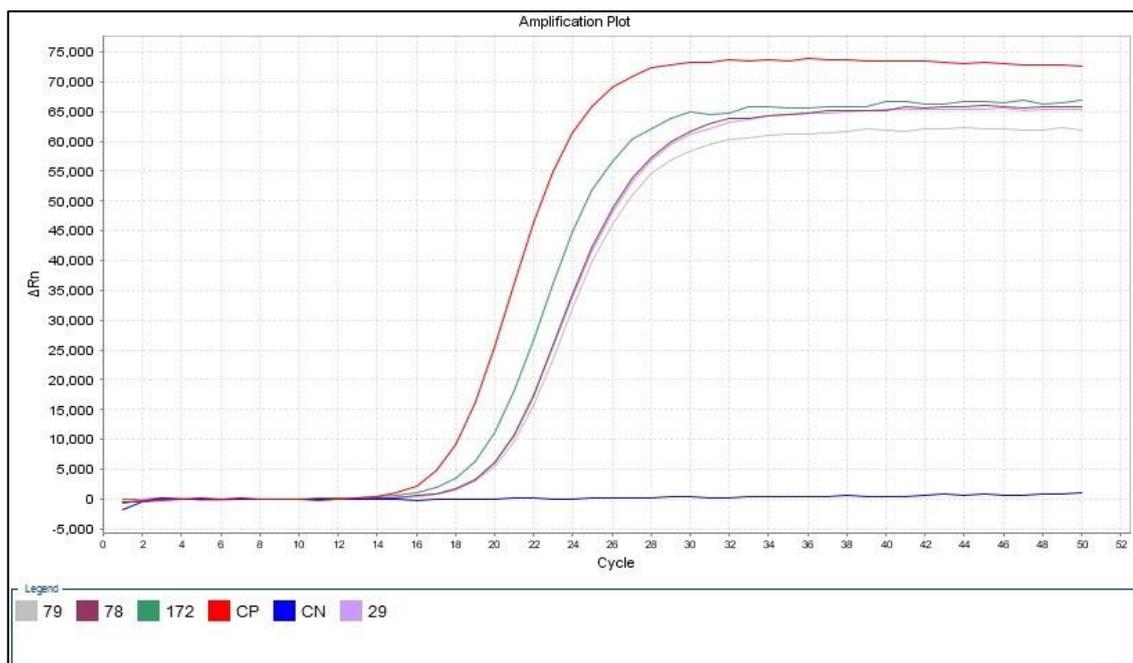


Figura 1. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en cuatro muestras de suero de bovinos persistentemente infectados (PI)

En la Fig. 1. Los resultados a la prueba de RT-PCR en tiempo real de los cuatro sueros (dos de la comunidad de Vista Alegre, una vaca y un ternero; comunidad de Allhuacchuyo una vaca y de la comunidad de Anchayaque una vaca, distrito de Santo Tomas, muestra la amplificación de un producto específico al genotipo 1 (vDVB-1), con valores Ct (Cycle threshold o ciclo umbral) de 15.00, 16.00, 15.00 y 16.00 para cada muestra frente al control positivo del genotipo 1 con un Ct de 14.00 (Figura 1). Se clasifican en el género *Pestivirus* dentro de la familia *Flaviviridae* y se distribuyen en todos los continentes. El vDVB-1 se puede segregar en al menos veintiún subgenotipos (1a – 1u), mientras que se han descrito cuatro subgenotipos para el BVDV-2 (2a – 2d). Con respecto a las secuencias publicadas, el número de aislados de virus descritos para vDVB-1 (88,2%) es

considerablemente mayor que para vDVB-2 (11,8%) (Yeşilbağ *et al.*, 2017); se reconocen dos especies de vDVB con vDVB1 dividido en al menos 21 subgenotipos y vDVB2 en 3-4 subgenotipos, más comúnmente usando secuencias de la región 5' no traducida (5' UTR). Este estudio ilustró la considerable diversidad genética y antigénica del vDVB-2 que circula en EE. UU (Neill *et al.*, 2019); El genotipo del virus de la diarrea viral (vDVB) en bovinos de pequeños ganaderos de cinco distritos de la provincia de Anta, Cusco, a la prueba RT-PCR en tiempo real mostró la amplificación al genotipo 1 (vDVB-1). No hubo amplificación de la secuencia objetivo del genotipo 2. (vDVBV- 2) (Valdez *et al.*, 2018); al detectar vacunos PI en cinco regiones diferentes de Colombia mediante técnicas de RT-PCR se confirmó mediante secuenciación, los genotipos de vDVB en la 5'UTR. Se encontró el genotipo 1 (vDVB-1), se identificó como un solo genotipo para todas las muestras (Quintero *et al.*, 2019); en los rebaños de ganado irlandés del 2011 al 2014. Se subtipificaron 350 virus de 267 rebaños mediante análisis de secuencia de nucleótidos de la 5' UTR y / o las regiones Npro. Todos los virus investigados en este estudio pertenecían a la especie vDVB-1 con vDVB-1a como subtipo prominente (97%). Los subtipos vDVB-1b, vDVB-1d y vDVB-1e también se identificaron por primera vez en Irlanda (O'Brien *et al.*, 2017); en Polonia, se determinó a partir de 65 animales infectados de forma persistente con vDVB. Diagnosticándose por PCR-TR que todos los aislados de vDVB pertenecían a la especie vDVB-1. No se encontraron especies de vDVB-2 (Kuta *et al.*, 2013).

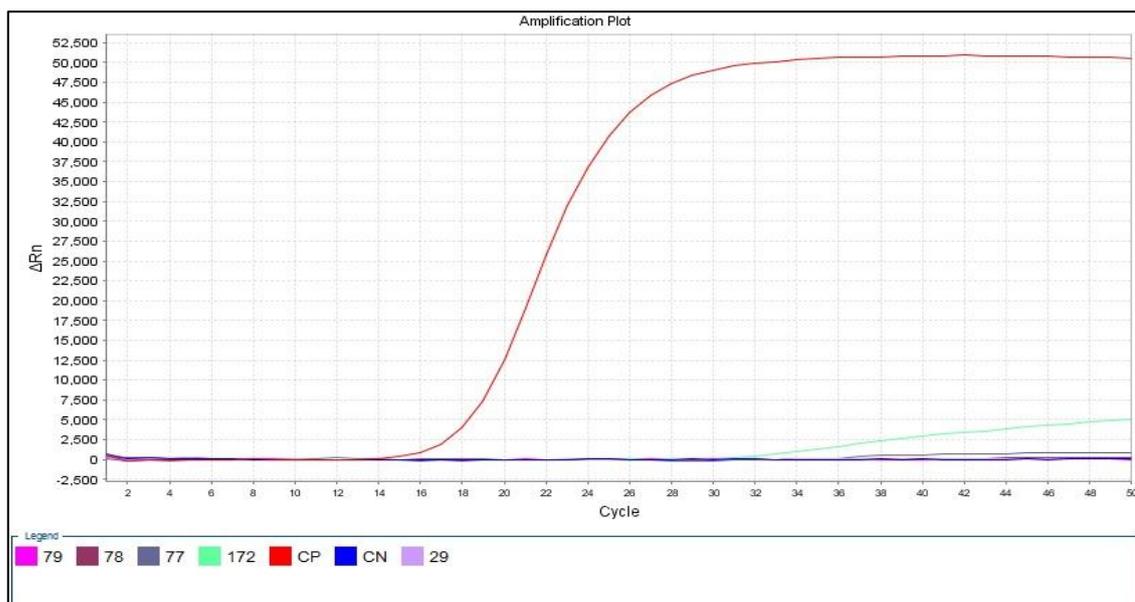


Figura 2. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en cuatro muestras de suero de bovinos persistentemente infectados (PI)

No hubo amplificación de productos específicos para el genotipo 2, en las 4 muestras de bovinos (Figura 2).

Se recolectaron los sueros preparto de 379 vacas, de 274 terneros precalostrales (antes de que se les diera calostro), y de 145 terneros de 25 días post-nacimiento. Además, se tomaron 181 biopsias de cartílago de oreja de estos terneros. Se realizó RT-PCR a todas las muestras para determinar la presencia o ausencia del vDVB. Los resultados mostraron que 17 (4,48%) muestras de suero preparto fueron positivas para Pestivirus, de las cuales 6 correspondieron al vDVB-2 (1,58%). Ninguna de las muestras de suero obtenidas de los terneros resultó positiva para el vDVB-2. Finalmente, 18 (9,9%) biopsias de cartílago de oreja fueron positivas al vDVB, 14 (7,7%) de las cuales resultaron positivas para el vDVB-2. El presente estudio es la primera evidencia documentada de la presencia del vDVB-2 en bovinos de Colombia (Villamil *et al.*, 2018); se presentaron los resultados de una encuesta epidemiológica de *Pestivirus* circulantes en el ganado en el sur de Italia. Los ensayos moleculares llevados a cabo en un total de 924 muestras bovinas detectaron 74 cepas del vDVB, donde 73 virus BVDV-1 y 1 BVDV-2 (Lanave *et al.*, 2017). Con el fin de determinar la presencia de animales infectados persistentemente y especies y subtipos circulantes de vDBV en una manada de búfalos cuyo hábitat fue compartido con bovinos. los resultados por PCR-TR mostraron un alto nivel de positividad para BVDV-1 y BVDV-2 dentro del rebaño de búfalos (Craig & Benitez, 2015); Hokkaido, Japón, se analizaron genéticamente 766 BVDV aislados del 2006 a 2014 vacas. El análisis filogenético basado en secuencias de nucleótidos de la región 5' no traducida del genoma viral reveló que 766 aislamientos se clasificaron como genotipo 1 (BVDV-1; 544 aislamientos) y genotipo 2 (BVDV-2; 222). Los aislados de BVDV-1 se dividieron en subgenotipos de BVDV-1a (93), 1b (371) y 1c (80), y todos los aislados de BVDV-2 se agruparon en el subgenotipos de BVDV-2a (222) (Abe *et al.*, 2016); en Alemania, un programa de control obligatorio con detección y eliminación de animales infectados persistentemente. Se generaron secuencias parciales de 1007 muestras recolectadas entre 2008 y 2016. Como virus dominantes, los subtipos 1b (47.0%) y 1d (26.5%) se detectó una cantidad mucho mayor de BVDV-2c en 2013 en comparación con otros años, predominantemente en el oeste Alemania. Además, se encontraron los subtipos 1a, 1e, 1f, 1h, 1g, 1k y 2a. (Wernike *et al.*, 2017).

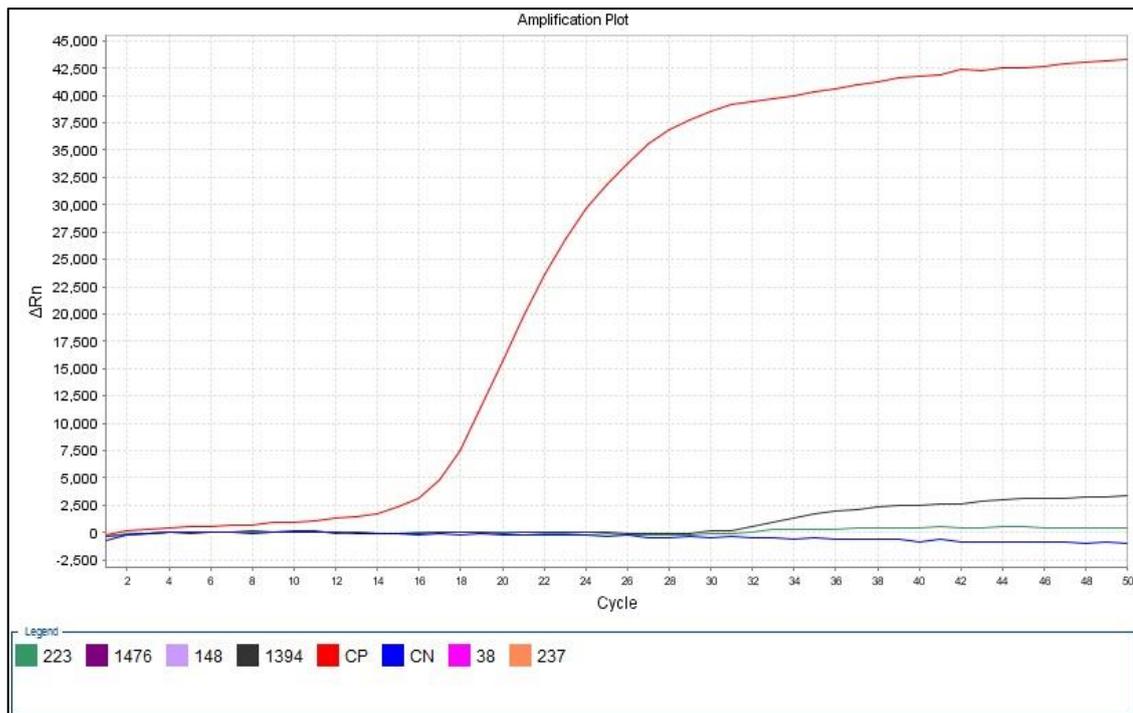


Figura 3. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en seis muestras de suero de ovino con problemas reproductivos

En la figura 3 se aprecia que no hubo amplificación de productos específicos para el genotipo 1 (DVB-1) de las 6 muestras de ovino con problemas reproductivos, de los cuales dos ovinos son de la comunidad de Vista alegre, dos de la comunidad de Allhuacchuyo y dos de la comunidad de Anchayaque, en donde podemos afirmar que los problemas reproductivos de los ovinos no fueron por infección del vDVB-1, podrían ser por otras causas. En Indonesia, particularmente en Java Central. Con el objetivo de estudiar la posible aparición de infecciones por *Pestivirus* (vDVB o BVD) en pequeños rumiantes. En Indonesia utilizó 46 muestras de sangre que constan de 26 sangre de oveja y 20 de cabra y mediante un análisis de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR) para todas las muestras positivas para diferenciar las especies de *Pestivirus*. Los resultados revelaron que las muestras positivas recolectadas de cabras tenían un genotipo de vDVB-1. No se encontró ovinos positivos para la prueba (Hidayat *et al.*, 2021); en el suroeste de China, se estudió la tasa de infección por vDVB en cabras enfermas de esa región. Se aplicó ELISA de captura de antígeno y RT-PCR de todas las muestras positivas en donde resultaron infección por BVDV-1 y no por BVDV-2, BVDV-3 o el virus de la enfermedad de Border (Deng *et al.*, 2018); En EEUU Colorado se observó casos agudos y fatales de diarrea viral bovina en el borrego cimarrón de las Montañas Rocosas (*Ovis canadensis canadensis*) en cautiverio. Los 6 borregos

cimarrones que murieron dieron positivo en la PCR-TR para el virus de la diarrea viral bovina (vDVB). cepa infectante de vDVB-1b (Fox *et al.*, 2019); estudios previos han demostrado que en el ganado de Chile se han aislado en ovinos y caprinos el genotipo 1 vDVB-1(Celedon, 2012); en Colombia, en la Región de los Ríos. Se analizaron un total de 145 muestras de sangre de ovinos y mediante la técnica de seroneutralización viral. 4 muestras (3%) resultaron positivas, al Genotipar molecularmente por PCR-TR la cepa pertenece al vDVB-1 (González, 2021); Con el fin de investigar en Italia, la infección por vDVB-1 en rumiantes domésticos, se analizaron leche de tanque a granel de ganado lechero y ovino. Se encontró ARN de vDVB-1 en vacunos, pero no en ovejas (Ricci *et al.*, 2019).

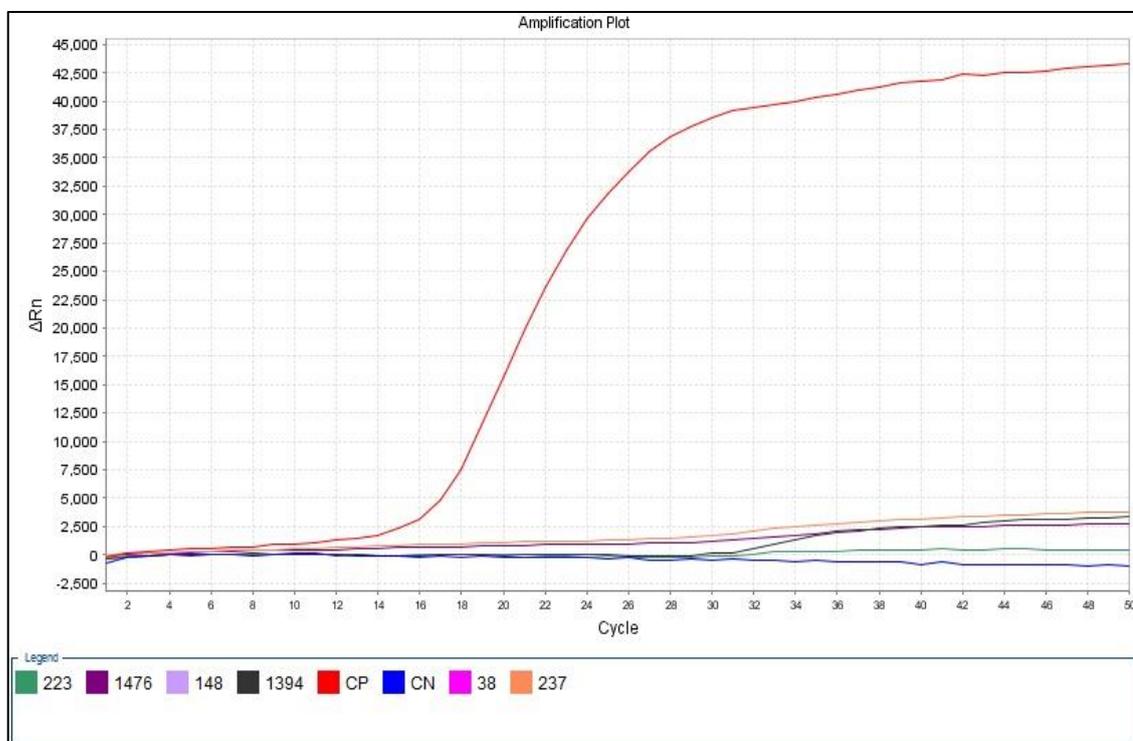


Figura 4. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en seis muestras de suero de ovino con problemas reproductivos

En la figura 4 se aprecia que no hubo amplificación de productos específicos para el genotipo 2 (vDVB-2) de las 6 muestras de ovino con problemas reproductivos de los cuales, dos ovinos son de la comunidad de Vista alegre, dos de la comunidad de Allhuacchuyo y dos de la comunidad de Anchayaque, en donde podemos afirmar que los problemas reproductivos de los ovinos no fueron por infección del vDVB-2, podrían ser por otras causas. En Argelia, se visitaron 56 rebaños de nueve departamentos y se recolectaron 689 muestras de sangre de ovinos los sueros que resultaron positivos a

vDVB en los ovinos por neutralización viral (VNT) se analizó por PCR-TR, en donde 2 sueros fueron muy positivos para vDVB-2 (Feknous *et al.*, 2018); en España, brotes de aborto y corderos nacidos con clínica nerviosa y / o malformaciones congénitas que afectaron a diferentes explotaciones de ovinos. utilizando técnicas inmunohistoquímicas y moleculares identificó al vDVB-2b como el agente etiológico (Partida *et al.*, 2017); al análisis genético de Pestivirus aislados de ovejas en Europa Continental, se aislaron cepas de Pestivirus ovino de pequeños rebaños de rumiantes y se caracterizaron tanto genética como antigénicamente, en donde se encontraron genotipos del vDVB-1 y vDVB-2, no menciona la cantidad de ovinos estudiados.(Giammarioli *et al.*, 2011); Los Pestivirus aislados de ovejas y cabras en la India hasta ahora han sido el virus de la diarrea viral bovina 1 (vDVB-1) y vDVB-2 (Mishra *et al.*, 2016).

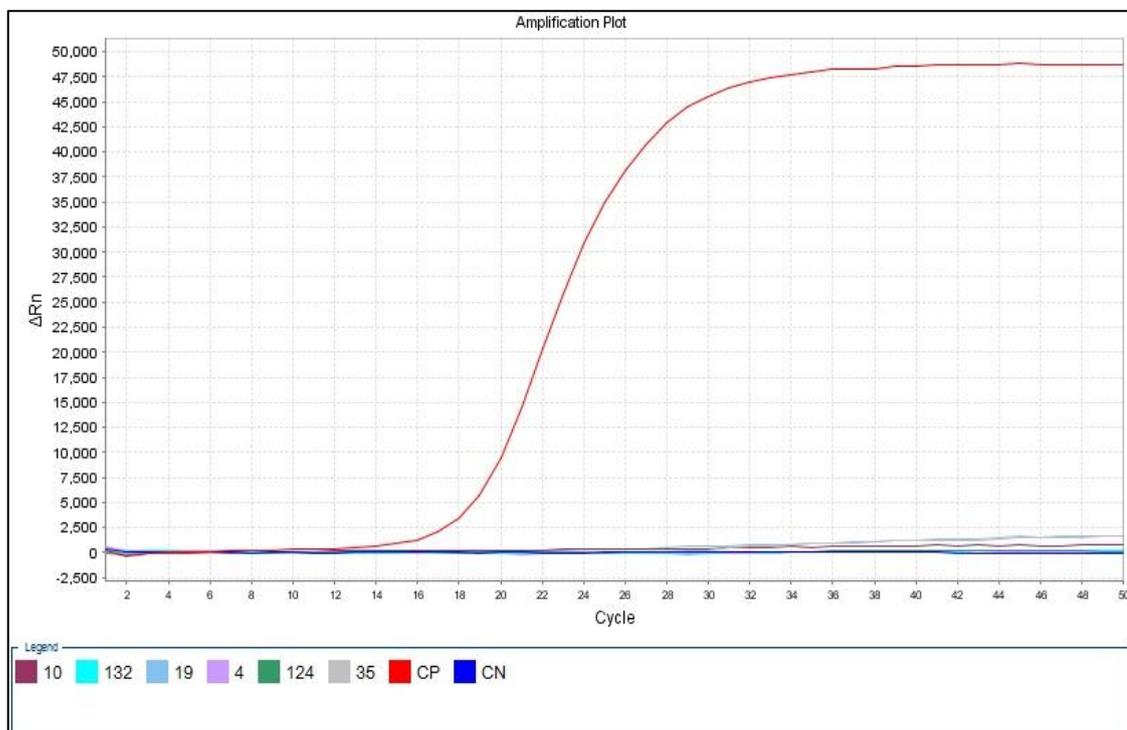


Figura 5. Identificación del genotipo 1 (VDVB-1) del virus de la diarrea viral presente en cinco muestras de suero de alpaca con problemas reproductivos

En la figura 5 se aprecia que no hubo amplificación de productos específicos para el genotipo 1 (vDVB-1) en las 5 muestras de alpaca con problemas reproductivos, de los cuales dos alpacas sin cría son de la comunidad de Vista alegre, dos de la comunidad de Allhuacchuyo y uno de la comunidad de Anchayaque con problemas reproductivos, en donde podemos asegurar que los problemas reproductivos de las alpacas no fueron por infección del vDVB-1, podrían ser por otras causas.

Se aislaron un total de 46 virus BVD de alpacas PI. Se analizaron cuarenta y tres aislamientos de vDVB de alpaca estadounidense y 3 aislamientos canadienses. Los 46 aislamientos de vDVB de alpaca de 8 estados diferentes de los EE. UU y Canadá tenían el genotipo vDVB 1b (Kim *et al.*, 2009); Se recolectaron muestras de 22 llamas y 26 alpacas diagnosticadas como Pestivirus positivas de la región Metropolitana de Chile (animales confinados). Al análisis de la región no codificante 50 (50NCR) mostró que los 12 aislados secuenciados pertenecían a vDBV-1 (Aguirre *et al.*, 2014). Los virus de la diarrea viral bovina (vDVB) se asocian más comúnmente con infecciones del ganado. Sin embargo, el vDVB a menudo se aísla de rumiantes estrechamente relacionados con varios subtipos de virus como el vDVB-1b que se aíslan de alpacas que estaban infectadas tanto de forma aguda como persistente (Neill *et al.*, 2015); En Australia, cuatro alpacas al infectarse con vDVB-1c IP bovino, revelaron concentraciones marginalmente bajas de sodio, cloruro y potasio elevadas, una linfocitosis, monocitosis y una neutrofilia y que las infecciones agudas son clínicamente leves e indetectables (Evans *et al.*, 2018).

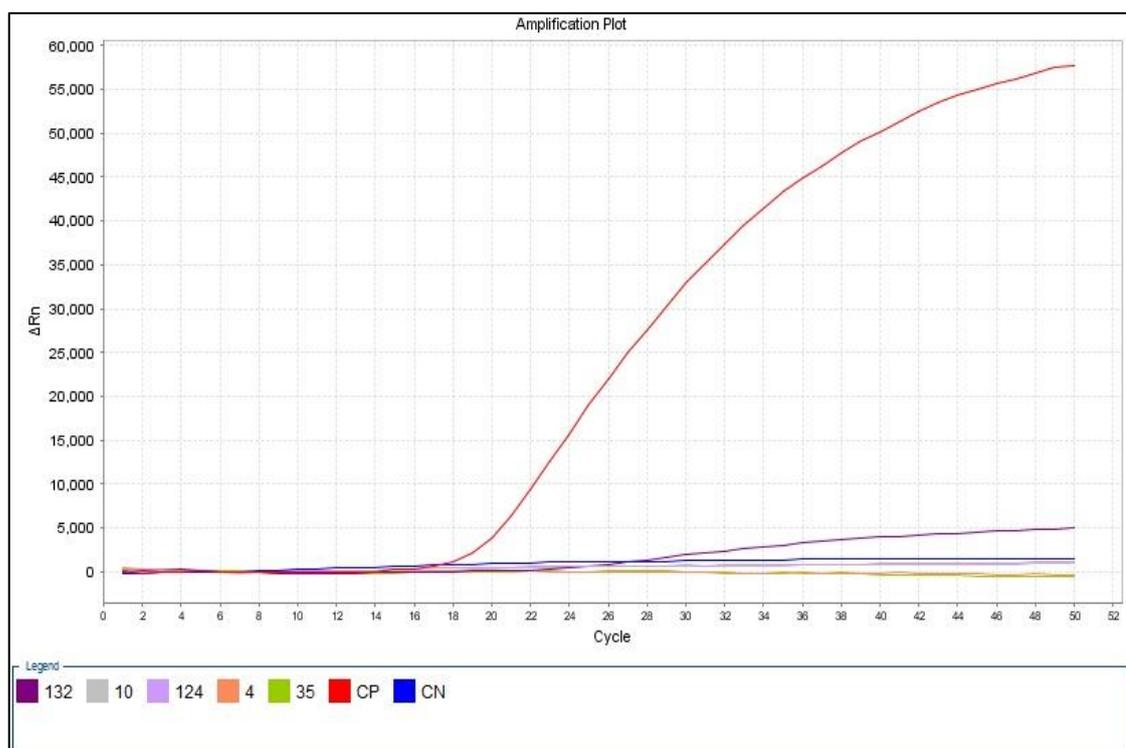


Figura 6. Identificación del genotipo 2 (VDVB-2) del virus de la diarrea viral presente en cinco muestras de suero de alpaca con problemas reproductivos

En la figura 6 se aprecia que no hubo amplificación de productos específicos para el genotipo 2 (VDB-1) en las 5 muestras de alpaca con problemas reproductivos, de los cuales dos alpacas sin cría son de la comunidad de Vista alegre, dos de la comunidad de



Allhuacchuyo y uno de la comunidad de Anchayaque con problemas reproductivos, en donde podemos asegurar que los problemas reproductivos de las alpacas no fueron por infección del vDVB-2, podrían ser por otras causas. El hábitat natural de más del 90% de los camélidos domésticos sudamericanos (SAC) en Chile, la alpaca, se encuentra a 3.800 y 5.000 m de altitud. Últimamente se han introducido alpacas a otras zonas geográficas del país donde están en contacto con rumiantes domésticos, lo que hace probable la infección por vDVB presente en bovinos, caprinos y ovinos introducidas en la Región Metropolitana de Chile, en donde concluye que las alpacas están infectadas con vDVB-1 y vDVB-2. (Celedon *et al.*, 2006); se recolectaron de 6 alpacas de la Zona Central de Chile, y que provenían de rebaños sanos y de rebaños con antecedentes de signos clínicos atribuibles a la enfermedad (abortos, mortinatos, y muerte en adultos). Los aislados de alpacas corresponden al virus del genotipo 1 del vDVB, y al del genotipo 2 vDVB-2 (Quezada, 2011); La diarrea viral bovina (BVD) es una enfermedad emergente en los camélidos del Nuevo Mundo (NWC). El virus se ha aislado de NWC, particularmente en alpacas, Ambos genotipos 1 y genotipo 2. Aún no se ha aislado una cepa de BVD exclusiva de los camélidos (Wernery, 2012).

CONCLUSIONES

- Está presente el virus de la diarrea viral bovina en vacunos, ovinos y alpacas, por la convivencia y pastoreo mixto entre las tres especies, siendo el vacuno el principal trasmisor del virus a las otras especies de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque, provincia de Chumbivilcas, Cusco.
- Existe animales persistentemente infectados (PI) a vDVB en vacunos, los que transmitieron el virus de la diarrea viral bovina a las ovejas y alpacas por la convivencia y el pastoreo mixto, siendo el vacuno PI la principal y potencialmente fuente trasmisor de vDVB.
- Se encontró vacunos portadores del genotipo 1 (vDVB 1), mas no del genotipo 2 (DVB 2), en los animales de las comunidades de Vista Alegre, Allhuacchuyo y Anchayaque, provincia de Chumbivilcas, Cusco, y no hubo amplificación de productos específicos para los genotipos 1 y 2 en las muestras de ovinos y alpacas que tuvieron problemas reproductivos.

RECOMENDACIONES

- No se debe hacer crianza mixta en rumiantes, puesto que los animales ungulados son muy sensibles al Pestivirus.
- Se debe eliminar a los vacunos persistentemente infectados PI con el virus de la diarrea viral bovina, debido a que estos animales son los reservorios y diseminadores del vDVB.
- Se debe realizar análisis de anticuerpos y antígenos de los nuevos animales que ingresan a los rebaños de las comunidades en estudio.
- Se debe realizar el 100% de los ovinos y alpacas seronegativas a anticuerpos contra el virus de la diarrea viral bovina para detectar a los Permanentemente Infectados (PI) y su respectivo genotipo.
- Antes de comprar, vender o utilizar animales para la reproducción asistida, deberán tener un certificado de sanitario que estén libres del vDVB.
- No mezclar los vacunos con los ovinos y alpacas, siendo el vacuno el principal portador del vDVB.
- Se informará al SENASA los resultados de este trabajo de investigación para que tomen las acciones pertinentes, ya que según la OIE la DVB es de notificación obligatoria.
- Se recomendará a las comunidades en estudio la vacunación contra el virus de la diarrea viral bovina tipo vDVB -1.

BIBLIOGRAFÍA

- Abe, Y., Tamura, T., Torii, S., Wakamori, S., Nagai, M., Mitsuhashi, K., Mine, J., Fujimoto, Y., Nagashima, N., Yoshino, F., Sugita, Y., Nomura, T., Okamatsu, M., Kida, H. & Sakoda, Y. (2016). Genetic and antigenic characterization of bovine viral diarrhea viruses isolated from cattle in Hokkaido, Japan. *Journal of Veterinary Medical Science*, 78(1), 61–70. <https://doi.org/10.1292/jvms.15-0186>.
- Aguirre, I. M., Fuentes, R. & Celedón, M. O. (2014). Genotypic characterization of chilean llama (*Lama glama*) and alpaca (*vicugna pacos*) pestivirus isolates. *Veterinary Microbiology*, 168(2–4), 312–317. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.11.031>.
- Akagami, M., Seki, S., Kashima, Y., Yamashita, K., Oya, S., Fujii, Y., Takayasu, M., Yaguchi, Y., Suzuki, A., Ono, Y., Ouchi, Y. & Hayama, Y. (2020). Risk factors associated with the within-farm transmission of bovine viral diarrhea virus and the incidence of persistently infected cattle on dairy farms from Ibaraki prefecture of Japan. *Research in Veterinary Science*, 129(February), 187–192. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.02.001>.
- Alvarez, S., Rivera, H., Pezo, D. & Garcia, W. (2002). Detección de anticuerpos contra pestivirus en rumiantes de una comunidad campesina de la provincia de Canchis, Cusco. *Rev Inv Vet Perú*, 13(1), 46–51.
- Alvarez, Y. (2020). *Seroprevalencia del Virus de la Diarrea Viral Bovina (VDVB) en vacunos de la raza Brown Swiss en la Cuenca Lechera del distrito de Pomata* (ISSUE 051). Universidad Nacional del Altiplano de Puno, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.
- Anziliero, Deniz, Martins, Weiss, M., Marcelo, Monteiro, Francielle, L., Cássio, F., Ataíde, R. W., Flores, E. F. (2015). Resposta sorológica aos herpesvirus bovino tipos 1 e 5 e vírus da diarreia viral bovina induzida por vacinas comerciais. *Ciência Rural*, 45(1), 58–63. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20130167>.
- Arainga, M., Rivera, H., Huaman, J. & Machego, A. (2010). Fenotipo y genotipo del virus de la diarrea viral aislado de bovinos en el Perú. *Revista Investigacion Vet Perú*, 21(2), 192–203.

- Arauco, F. & Lozano, E. (2018). Seroprevalencia de diarrea viral bovina en hatos lecheros del Valle del Mantaro, Región Junín, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 29(4), 1515. <https://doi.org/10.15381/rivep.v29i4.15347>.
- Arbulú-García, C. & Morales-Cauti, S. (2021). Seroprevalence of antibodies against bovine viral diarrhoea virus in cattle under an extensive production system in three districts of Ayacucho, Peru. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru*, 32(3), 1–9. <https://doi.org/10.15381/RIVEP.V32I3.20401>.
- Avci, O., Yavru, S. & Bulut, O. (2014). Changes in Hematological Parameters in Cattle Infected with Bovine Viral Diarrhea Virus. *Acta Scientiae Veterinariae Brasil*, 42(1), 1–5.
- Bahgy, H. E. K. E., Abdelmegeed, H. K. & Marawan, M. A. (2018). Epidemiological surveillance of bovine viral diarrhoea and rift valley fever infections in camel. *Veterinary World*, 11(9), 1331–1337. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.1331-1337>.
- Barbieri, E. S., Rodríguez, D. V., Marin, R. E., Setti, W., Romero, S., Barranteguy, M., & Parreño, V. (2014). Relevamiento serológico de anticuerpos contra enfermedades virales de interés sanitario en llamas (lama Glama) de la Provincia de Jujuy, Argentina. *Revista Argentina de Microbiología*, 46(1), 53–57. [https://doi.org/10.1016/S0325-7541\(14\)70049-5](https://doi.org/10.1016/S0325-7541(14)70049-5).
- Bauermann, F. V., Falkenberg, S. M., Decaro, N., Flores, E. F. & Ridpath, J. F. (2015). Experimental infection of calves, sheep, goats and pigs with HoBi-like viruses by direct inoculation or exposure to persistently infected calves. *Veterinary Microbiology*, 181(3–4), 289–293. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.10.011>.
- Bauermann, F. V., Ridpath, J. F., Weiblen, R. & Flores, E. F. (2013). HoBi-like viruses: an emerging group of pestiviruses. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, 25(1), 6–15. <https://doi.org/10.1177/1040638712473103>.
- Benito, F., D., Rivera, G., Castillo, E., Navarro, M. & Gómez, M. A. (2018). Detección de anticuerpos contra diarrea viral bovina en cabras de cuatro provincias de Lima, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 29(4), 1508–1514. <https://doi.org/10.15381/rivep.v29i4.15183>.

- Berríos, P. (2015). *Diarrea viral bovina. Enfermedad de las mil caras*. 12(3), 231–237.
- Bielefeldt-Ohmann, H. (2020). Special issue: Bovine viral diarrhoea virus and related pestiviruses. *Viruses*, 12(10), 12–14. <https://doi.org/10.3390/v12101181>.
- Celedon, M., Osorio, J. & Pizarro, J. (2006). Aislamiento e identificación de pestivirus obtenidos de alpacas (*Lama pacos*) y llamas (*Lama glama*) de la Región Metropolitana, Chile. *Archivos De Medicina Veterinaria*, 38(3), 247–252. <https://doi.org/10.4067/S0301-732x2006000300008>.
- Chernick, A., Ambagala, A., Orsel, K., Wasmuth, J. D., Marle, G. V. & Meer, F. V. D. (2018). Infection, Genetics and Evolution Bovine viral diarrhoea virus genomic variation within persistently infected cattle. *Infection, Genetics and Evolution*, 58(October 2017), 218–223. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.01.002>.
- Chernick, A. & Van, F. (2017). Evolution of Bovine viral diarrhoea virus in Canada from 1997 to 2013. *Virology*, 509(April), 232–238. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2017.06.024>.
- Choquenaira, A. R. (2018). Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina vDVB en la raza Brown Swiss del distrito de Paucarcolla. In *Repositorio Institucional Universidad Nacional del Altiplano - Puno*.
- Craig, I., König, A., Benitez, F. & Draghi, G. (2015). Molecular analyses detect natural coinfection of water buffaloes (*Bubalus bubalis*) with bovine viral diarrhoea viruses (BVDV) in serologically negative animals. *Revista Argentina de Microbiología*, 47(2), 148–151. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2015.03.001>.
- Cruz, A., Moreno, G., Gonzales, K. & Martinez, A. (2014). Determinación de la presencia de anticuerpos contra *Neospora caninum* y el Virus de Diarrea Viral Bovina y su relación con el desempeño reproductivo de hembras bovinas del municipio de Oicatá (Boyacá). *Grupo de Investigación IRABI*, 9(2), 238–247.
- Damman, A., Viet, A. F., Arnoux, S., Guerrier-Chatellet, M. C., Petit, E. & Ezanno, P. (2015). Modelling the spread of Bovine viral diarrhoea virus (BVDV) in a beef cattle herd and its impact on herd productivity. *Veterinary Research*, 46(1), 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13567-015-0145-8>.

- Danielle, D. N., Duprau, J. L., Wolff, P. L. & Evermann, J. F. (2016). Persistent bovine viral diarrhea virus infection in domestic and wild small ruminants and camelids including the mountain goat (*Oreamnos americanus*). *Frontiers in Microbiology*, 6(JAN), 1–7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01415>.
- De la Cruz, C. (2013). *Bovinos Persistentemente Infectados o con Infecciones Agudas con el Virus de la Diarrea Viral Bovina (BVDV) destinados a Engorda* (tesis maestría). Universidad Autónoma de Nuevo León Posgrado.
- De Oliveira, P. S. B., Silva, J. V. J., Weiblen, R. & Flores, E. F. (2021). Subtyping bovine viral diarrhea virus (BVDV): Which viral gene to choose? *Infection, Genetics and Evolution*, 92(January). <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104891>.
- Decaro, N., Losurdo, M., Larocca, V., Lucente, M. S., Mari, V., Varello, K., Patruno, G., Camero, M., Sciarra, M., Occhiogrosso, L., Tempesta, M., Iulini, B. & Buonavoglia, C. (2015). HoBi-like pestivirus experimental infection in pregnant ewes: Reproductive disorders and generation of persistently infected lambs. *Veterinary Microbiology*, 178(3–4), 173–180. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.05.011>.
- Demil, E., Fentie, T., Vidal, G., Jackson, W., Lane, J., Mekonnen, S. A. & Smith, W. (2021). Prevalence of bovine viral diarrhea virus antibodies and risk factors in dairy cattle in Gondar city, Northwest Ethiopia. *Preventive Veterinary Medicine*, 191(January), 105363. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2021.105363>.
- Deng, Y., Wang, S., Liu, R. & Hao, G. (2018). Genetic Diversity of Bovine Viral Diarrhea Virus Infection in Goats in Southwestern China. *Journal of Veterinary Medicine*, 2018, 1–5. <https://doi.org/10.1155/2018/8274397>.
- Erol, N., Gür, S., Taylan Koç, B. & Yavru, S. (2020). A serological investigation of bovine enterovirus-1, bovine herpesvirus-1, bovine viral diarrhea virus, and parainfluenza-3 infections in camels in western Turkey. *Veterinaria Italiana*, 56(4), 257–262. <https://doi.org/10.12834/VetIt.1730.9136.2>.
- Evans 1, E Erregger 1, F Hemmatzadeh 1, P. C. 1. (2018). BVDV en alpacas australianas: infección natural y perfiles clínicos después de la mezcla con una novilla infectada persistentemente. *Veterinary Journal Australian*, 96(7), 262–268.

- Evans, C. A., Reichel, M. P., Hemmatzadeh, F. & Cockcroft, P. D. (2017). Clinical responses and reproductive outcomes in pregnant ewes experimentally infected with bovine viral diarrhoea virus (type-1c) between days 59 and 69 of gestation. *Small Ruminant Research*, *149*, 121–127. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.01.012>.
- Evans, C. A., Lanyon, S. R., Sims, S. K. & Reichel, M. P. (2015). Reproductive performance in experimentally BVDV infected ewes and seroconversion rates in sheep co-mingled with BVDV PI calves. *Small Ruminant Research*, *123*(2–3), 314–319. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.11.018>.
- Evans, C. A. & Reichel, M. P. (2021). Non-bovine species and the risk to effective control of bovine viral diarrhoea (BVD) in cattle. *Pathogens*, *10*(10), 1–17. <https://doi.org/10.3390/pathogens10101263>.
- Falkenberg, S. M., Dassanayake, R. P., Neill, J. D. & Ridpath, J. F. (2018). Evaluation of bovine viral diarrhoea virus transmission potential to naïve calves by direct and indirect exposure routes. *Veterinary Microbiology*, *217*, 144–148. <https://doi.org/10.1016/J.VETMIC.2018.03.012>.
- Feknous, N., Hanon, J. B., Tignon, M., Khaled, H., Bouyoucef, A. & Cay, B. (2018). Seroprevalence of border disease virus and other pestiviruses in sheep in Algeria and associated risk factors. *BMC Veterinary Research*, *14*(1), 1–11. <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1666-y>.
- Fernandez, V., Prisciliano, J., Martínez, Z. & Granados, L. (2014). *Control zoonosario de la diarrea viral bovina, rinotraqueitis infecciosa bovina, neosporosis y leptospirosis en bovinos en pastoreo en el trópico húmedo de Tabasco* Secretaría de Agricultura , Ganadería , Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación Centro (SAGARPA (ed.)).
- Fox, K. A., Kopanke, J. H., Lee, J. S., Wolfe, L. L., Pabilonia, K. L. & Mayo, C. E. (2019). Bovine viral diarrhoea in captive Rocky Mountain bighorn sheep associated with administration of a contaminated modified-live bluetongue virus vaccine. *Journal of Veterinary Diagnostic Investigation*, *31*(1), 107–112. <https://doi.org/10.1177/1040638718814583>.

- Fricke, J., Gunn, M. & Meyers, G. (2001). A family of closely related bovine viral diarrhoea virus recombinants identified in an animal suffering from mucosal disease: New insights into the development of a lethal disease in cattle. *Virology*, 291(1), 77–90. <https://doi.org/10.1006/viro.2001.1170>.
- García-garcía, J. A., Reding-bernal, A. & López-alvarenga, J. C. (2013). Cálculo del tamaño de la muestra en investigación en educación médica. *Inv Ed Med*, 2(8), 217–224.
- Genesig. (2017). *Quantification of bovine viral diarrhoea virus genomes genesig Standard* (p. 3). Kit handbook HB10.06.08 Reino Unido.
- Giammarioli, M., Ridpath, J. F., Rossi, E., Bazzucchi, M., Casciari, C. & De Mia, G. M. (2015). Genetic detection and characterization of emerging HoBi-like viruses in archival foetal bovine serum batches. *Biologicals*, 43(4), 220–224. <https://doi.org/10.1016/j.biologicals.2015.05.009>.
- Giammarioli, M., La Rocca, S. A., Steinbach, F., Casciari, C. & De Mia, G. M. (2011). Genetic and antigenic typing of border disease virus (BDV) isolates from Italy reveals the existence of a novel BDV group. *Veterinary Microbiology*, 147(3–4), 231–236. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.06.027>.
- Giangaspero, M., Yesilbag, K. & Apicella, C. (2018). Who's who in the Bovine viral diarrhoea virus type 1 species: Genotypes L and R. *Virus Research*, 50 168. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2018.07.009>.
- González-Bautista, E. D., Bulla-Castañeda, D. M., Díaz-Anaya, A. M., García-Corredor, D. J. & Pulido-Medellín, M. O. (2021). Determinación de anticuerpos antidiarrea viral bovina (DVB) en vacas lecheras de un municipio de Boyacá (Colombia). *Revista de Medicina Veterinaria*, 1(43), 117–126. <https://doi.org/10.19052/mv.vol1.iss43.11>.
- González, F. A. (2021). *Presencia de anticuerpos seroneutralizantes para pestivirus en ovinos pertenecientes a tres rebaños de la región de los ríos. Presence of neutralizing antibodies to pestivirus in three sheep herds in the región de los ríos*. 2, 4762–4775. <https://doi.org/10.34188/bjaerv4n3-152>

- Gudiel, M. (2019). *Detección de anticuerpos contra diarrea viral bovina en el hato caprino de la granja experimental de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia*. Universidad de San Carlos de Guatemala, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Escuela de Medicina Veterinaria.
- Gutiérrez-Hernández, J.1., Palomares-Resendiz, G.1., Badillo, E.2., Leyva-Corona, J.3. & Díaz-Aparicio, E.1. (2020). Frecuencia de enfermedades de impacto reproductivo en bovinos de doble propósito ubicados en Oaxaca, México. *Abanico Veterinario* ISSN 2448-6132 *Abanicoacademico.Mx/Revistasabanico/Index.Php/Abanico-Veterinario*, 2448–6132, 1–11.
- Haif, A., Khelifi-Ouchene, N. A., Khelifi, M., Ouchetati, I., Zeroual, F. & Ouchene, N. (2021). Abortive diseases and their various associated risk factors in small ruminants in Algeria: a systematic review. *Tropical Animal Health and Production*, 53(6). <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02926-6>.
- Han, J. H., Weston, J. F., Heuer, C. & Gates, M. C. (2020). Modelling the economics of bovine viral diarrhoea virus control in pastoral dairy and beef cattle herds. *Preventive Veterinary Medicine*, 182(April), 105092. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2020.105092>.
- Hidayat, W., Wuryastuty, H. & Wasito, R. (2021). Detection of Pestivirus in small ruminants in Central Java, Indonesia. *Veterinary World*, 14(4), 996–1001. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.996-1001>.
- Huacasi, B. V. (2018). Seroprevalencia de rinotraqueitis infecciosa bovina (ibr) y diarrea viral bovina (bvd) en vacunos brown swiss de la comunidad de huisacollana del distrito de yauri - espinar – cusco. In *tesis Universidad Nacional del Altiplano Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia*. Universidad Nacional del Altiplano, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.
- Huaylla, J. C. (2018). *Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vdvb) en vacunos de la raza Brown swiss en la cuenca lechera del distrito de Vilque*. Universidad Nacional del Altiplano, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.

- Ibarra, R. J. (2012). Comparación antigénica entre aislados de virus diarrea viral bovina obtenidos de ovinos y caprinos con aislados de bovinos, camélidos sudamericanos y cepas de referencia mediante reacción de seroneutralización cruzada. In *Universidad de Chile Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias Escuela de Ciencias Veterinarias, Santiago-Chile*. <https://doi.org/10.5354/0717-8883.1983.23025>.
- IDEXX. (2017). BDVB total Ab. In *Tests Ruminant, livestock y poultry diagnostics*.
- INEI. (2012). *IV Censo Nacional Agropecuario* (p. Region Cusco). <https://www.ica.gov.co/areas/pecuaria/servicios/epidemiologia-veterinaria/censos-2016/censo-2018>.
- Iotti, B., Valdano, E., Savini, L., Candeloro, L., Giovannini, A., Rosati, S., Colizza, V. & Giacobini, M. (2019). Farm productive contexts and the dynamics of bovine viral diarrhea (BVD) transmission. *Preventive Veterinary Medicine*, *165*, 23–33. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2019.02.001>.
- Johnson, J. W., Edmondson, M. A., Walz, P. H., Marley, M. S. D. & Givens, M. D. (2010). Comparison of clinical, hematological, and virological findings in alpacas (*Lama pacos*) inoculated with bovine viral diarrhea virus isolates of alpaca or bovine origin. *Small Ruminant Research*, *94*(1–3), 66–72. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2010.07.002>.
- Kim, S. G., Anderson, R. R., Yu, J. Z., Zylich, N. C., Kinde, H., Carman, S., Bedenice, D. & Dubovi, E. J. (2009). Genotyping and phylogenetic analysis of bovine viral diarrhea virus isolates from BVDV infected alpacas in North America. *Veterinary Microbiology*, *136*(3–4), 209–216. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.10.029>.
- Kuta, A., Polak, M. P., Larska, M. & Zmudziński, J. F. (2013). Predominance of bovine viral diarrhea virus 1b and 1d subtypes during eight years of survey in Poland. *Veterinary Microbiology*, *166*(3–4), 639–644. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2013.07.002>.
- Lanave, G., Decaro, N., Lucente, M. S., Guercio, A., Cavaliere, N., Purpari, G., Padalino, I., Larocca, V., Antoci, F., Marino, P. A., Buonavoglia, C. & Elia, G. (2017). Circulation of multiple subtypes of bovine viral diarrhoea virus type 1 with no

- evidence for HoBi-like pestivirus in cattle herds of southern Italy. *Infection, Genetics and Evolution*, 50, 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.02.009>.
- Lértora, W. J. (2003). Diarrea viral bovina : actualización. *Revista Veterinaria*, 14(1), 42–53.
- Liu, Q., Liu, L., Meng, Y. K., Wang, C., Gao, Y., Zheng, F. G. & Ma, H. L. (2021). Serological evidence of bovine viral diarrhoea virus and peste des petits ruminants virus infection in alpacas (*Vicugna pacos*) in Shanxi Province, northern China. *Tropical Animal Health and Production*, 53(2). <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02746-8>.
- Llancares, N. A., Rivera, H. G., Araiga, M. R., F. N. P. (2012). Seroprevalência de pestivirus de ruminantes em reprodutores de una empresa de la sierra central del Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú, RIVEP*, 23(4), 504–509.
- Lysholm, S. (2016). Prevalence and Risk Factors for BVDV in Goats and Cattle in and around Gaborone , Botswana. *Sveriges Lantbruksuniversitet Swedish University of Agricultural Science*, 1652–8697. <http://stud.epsilon.slu.se>.
- Mamani, G. E. (2021). *Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vdvb) en vacunos brown swiss del distrito de macari* (issue 051). Universidad Nacional del Altiplano de Puno, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.
- Martínez-López, B., Ivorra, B., Fernández-Carrión, E., Perez, A. M., Medel-Herrero, A., Sánchez-Vizcaíno, F., Gortázar, C., Ramos, A. M. & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2014). A multi-analysis approach for space-time and economic evaluation of risks related with livestock diseases: The example of FMD in Peru. *Preventive Veterinary Medicine*, 114(1), 47–63. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.01.013>.
- Milićević, V., Maksimović-Zorić, J., Veljović, L., Kureljušić, B., Savić, B., Cvetojević, Đ., Jezdimirović, N. & Radosavljević, V. (2018). Bovine viral diarrhoea virus infection in wild boar. In *Research in Veterinary Science* (Vol. 119, pp. 76–78). <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2018.05.018>.
- MINAGRI. (2017). Plan Nacional De. *Atencion Primaria*, 60.

- Mishra, N., Rajukumar, K., Vilcek, S., Kalaiyarasu, S., Behera, S. P., Dubey, P., Nema, R. K., Gavade, V. B., Dubey, S. C. & Kulkarni, D. D. (2016). Identification and molecular characterization of border disease virus (BDV) from sheep in India. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 44, 1–7. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.11.001>.
- Neill, J. D., Dubovi, E. J. & Ridpath, J. F. (2015). Identification of amino acid changes in the envelope glycoproteins of bovine viral diarrhoea viruses isolated from alpaca that may be involved in host adaptation. *Veterinary Microbiology*, 179(3–4), 299–303. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.06.007>.
- Neill, J. D., Workman, A. M., Hesse, R., Bai, J., Porter, E. P., Meadors, B., Anderson, J., Bayles, D. O. & Falkenberg, S. M. (2019). Identification of BVDV2b and 2c subgenotypes in the United States: Genetic and antigenic characterization. *Virology*, 528 (December 2018), 19–29. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2018.12.002>.
- Newcomer, B. W., Chamorro, M. F. & Walz, P. H. (2017). Vaccination of cattle against bovine viral diarrhoea virus. *Veterinary Microbiology*, 206(December 2016), 78–83. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.04.003>.
- Nugroho, W., Reichel, M. P., Ruff, N., Gazali, A. M. & Sakke, I. S. (2020). Infection with Bovine Viral Diarrhoea Virus in Cattle in Southern Papua, Indonesia. *Acta Tropica*, 212 (September), 105712. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105712>.
- O'Brien, E., Garvey, M., Walsh, C., Arkins, S. & Cullinane, A. (2017). Genetic typing of bovine viral diarrhoea virus in cattle on Irish farms. *Research in Veterinary Science*, 111, 14–20. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2016.10.017>.
- Odeon, A. & Pasquale, D. (2016). Control del virus de la diarrea viral bovina. *Inta.*, 1–4.
- OIE. (2018). Diarrea viral bovina. *Manual Terrestre de La OIE 2018*, 4(3), 1–24.
- Otzen, T. & Manterola, C. (2017). Técnicas de muestreo sobre una población a estudio. *Int. J. Morphol.*, 35(1), 227–232.

- Paredes, J. L. (2018). *Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina (vdvb) en vacunos Brown swiss en la cuenca lechera del distrito de Azangaro* (issue 051). Universidad Nacional del Altiplano de Puno, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.
- Partida, L. E., Fernández, M., Gutiérrez, J., Esnal, A., Benavides, J., Pérez, V., de la Torre, A., Álvarez, M. & Esperón, F. (2017). Detection of Bovine Viral Diarrhoea Virus 2 as the Cause of Abortion Outbreaks on Commercial Sheep Flocks. *Transboundary and Emerging Diseases*, 64(1), 19–26. <https://doi.org/10.1111/tbed.12599>.
- Pecora, A., Malacari, D., Pérez, A., Bellido, D., Escribano, J., Dus Santos, M. & Wigdorovitz, A. (2015). Development of an enhanced bovine viral diarrhea virus subunit vaccine based on E2 glycoprotein fused to a single chain antibody which targets to antigen-presenting cells. *Revista Argentina de Microbiología*, 47(1), 4–8. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2014.12.004>.
- Pecora, A. & Perez, M. (2017). Actualización en diarrea viral bovina , herramientas diagnósticas y estrategias de prevención. *INTA-Buenos Aires Argentina.*, 4–24. https://inta.gob.ar/sites/default/files/inta-actualizacion_en_diarrea_viral_bovina.pdf.
- Pecora, A., Pérez, M. S., Malacari, D., Zabal, O., Bauermann, F. V, Ridpath, J. F. & Dus, M. J. (2016). Pestivirus emergentes HoBi: impacto en salud animal y su importancia como contaminante de insumos biotecnológicos. *Ria*, 42(3), 252–257.
- Piniór, B., Firth, C. L., Richter, V., Lebl, K., Trauffler, M., Dzieciol, M., Hutter, S. E., Burgstaller, J., Obritzhauser, W., Winter, P. & Käsbohrer, A. (2017). A systematic review of financial and economic assessments of bovine viral diarrhea virus (BVDV) prevention and mitigation activities worldwide. *Preventive Veterinary Medicine*, 137, 77–92. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.12.014>.
- Pita, F., Díaz, P. & Valdés, C. (2004). Medida de frecuencia de enfermedad. *Unidad de Epidemiología Clínica y Bioestadística*, 1–6.

- Quezada, P. M. (2011). *Comparación antigénica de aislados del virus diarrea viral bovina obtenidos de alpacas (lama pacos) y llamas (lama glama) con aislados de virus diarrea viral bovina obtenidos de bovinos y cepas de referencia mediante reacción de neutralización recíproca*. Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias Escuela de Ciencias Veterinarias COMP.
- Quintana, E., Barone, L., Trotta, M. V., Turco, C., Mansilla, C., Cardoso, N. P. & Victoria, A. (2018). A direct high-throughput In Cell-ELISA for measuring infectivity of cytopathic and non-cytopathic bovine viral diarrhoea virus strains applied to the assessment of antiviral activity. *Journal of Virological Methods*, *SO166*(18), 30161–30167. <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2018.07.010>.
- Quintero, J., Corredor, A. P., Salas, S. S., Camargo, H., Sánchez, A., Tobón, J., Ortiz, D., Schachtebeck, E. & Gutierrez, M. F. (2019). High prevalence of persistently infected animals from bovine viral diarrhoea in Colombian cattle. *BMC Veterinary Research*, *15*(1), 1–8. <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1769-5>.
- Quispe, N. A. (2018). Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina en vacunos Brown swiss en tres comunidades del distrito de Taraco - Puno (tesis). In *Universidad Nacional Del Altiplano*.
- Ramírez, R. B. C. M. (2012). *Presencia del virus de la diarrea viral bovina y su asociación con otros cuadros patológicos en ganado en corral de engorda Presence*. *43*(3), 225–234.
- Ramirez, E. (2010). *Manual de crianza de ganado ovino*.
- Reichel, M. P., Lanyon, S. R. & Hill, F. I. (2018). Perspectives on current challenges and opportunities for bovine viral diarrhoea virus eradication in Australia and New Zealand. *Pathogens*, *7*(1), 1–10. <https://doi.org/10.3390/pathogens7010014>.
- Ricci, S., Bartolini, S., Morandi, F., Cuteri, V. & Preziuso, S. (2019). Genotyping of Pestivirus A (Bovine Viral Diarrhoea Virus 1) detected in faeces and in other specimens of domestic and wild ruminants at the wildlife-livestock interface. *Veterinary Microbiology*, *235*(April), 180–187. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.07.002>.

- Richter, V., Lebl, K., Baumgartner, W., Obritzhauser, W., Käsbohrer, A. & Pinior, B. (2017). A systematic worldwide review of the direct monetary losses in cattle due to bovine viral diarrhoea virus infection. *Veterinary Journal*, 220(June 2016), 80–87. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2017.01.005>.
- Ridpath, J. (2010). The contribution of infections with bovine viral diarrhoea viruses to bovine respiratory disease. *Veterinary Clinics of North America - Food Animal Practice*, 26(2), 335–348. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2010.04.003>.
- Ridpath, J. F., Bayles, D. O., Neill, J. D., Falkenberg, S. M., Bauermann, F. V., Holler, L., Braun, L. J., Young, D. B., Kane, S. E. & Chase, C. C. L. (2015). Comparison of the breadth and complexity of bovine viral diarrhoea (BVDV) populations circulating in 34 persistently infected cattle generated in one outbreak. *Virology*, 485, 297–304. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2015.07.022>.
- Rivera G., H. (2001). Causas frecuentes de aborto bovino. *Revista Investigación Veterinaria Del Perú*, 12(2), 117–122. <http://www.scielo.org.pe/pdf/rivep/v12n2/a14v12n2>.
- Rivera, H. (2008). Evolución del conocimiento sobre la enfermedad de la diarrea viral bovina y su agente etiológico. *Rev Inv Vet Perú*, 19(1), 93–112. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1609-91172008000200001.
- Rondon, I. (2006). Diarrea viral bovina: Patogénesis e inmunopatología. *Revista Medicina Veterinaria y Zootecnia Cordova Argentina*, 11(1), 694–704.
- Saidi, R., Bessas, A., Bitam, I., Ergün, Y. & Ataseven, V. S. (2018). Bovine herpesvirus-1 (BHV-1), bovine leukemia virus (BLV) and bovine viral diarrhoea virus (BVDV) infections in Algerian dromedary camels (*Camelus dromaderius*). *Tropical Animal Health and Production*, 50(3), 561–564. <https://doi.org/10.1007/s11250-017-1469-3>.
- Salgado, R., Hidalgo-Hermoso, E. & Pizarro-Lucero, J. (2018). Detection of persistent pestivirus infection in pudú (*Pudu puda*) in a captive population of artiodactyls in Chile. *BMC Veterinary Research*, 14(1), 1–7. <https://doi.org/10.1186/s12917-018-1363-x>.

- Scharnböck, B., Roch, F. F., Richter, V., Funke, C., Firth, C. L., Obritzhauser, W., Baumgartner, W., Käsbohrer, A. & Pinior, B. (2018). A meta-analysis of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) prevalences in the global cattle population. *Scientific Reports*, 8(1), 1–15. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32831-2>.
- Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú - SENAMHI. (2018). <https://www.senamhi.gob.pe/main.php?dp=cusco&p=pronostico=detalle>.
- Servicio Nacional de Sanidad Agraria - SENASA. (2010). caracterización de la diarrea viral bovina , neosporosis bovina y rinotraqueitis infecciosa bovina en el peru. *programa de desarrollo de la sanidad agraria e inocuidad agroalimentaria - prodesa*, 18.
- Soto, A. (2018). Seroprevalencia de la diarrea viral bovina en el centro de investigación y producción de Chuquibambilla, Puno. Universidad Nacional del Altiplano Escuela de Posgrado. In *Universidad Nacional del Altiplano, Escuela de Posgrado*. <http://repositorio.unap.edu.pe/handle/UNAP/8494>.
- Stephenson, M. K., Palomares, R. A., White, B. J., Engelken, T. J. & Brock, K. V. (2017). Prevalence of bovine viral diarrhoea virus (BVDV) persistently infected calves in auction markets from the southeastern United States; association between body weight and BVDV-positive diagnosis. *Professional Animal Scientist*, 33(4), 426–431. <https://doi.org/10.15232/pas.2017-01619>.
- Thulke, H. H., Lange, M., Tratalos, J. A., Clegg, T. A., McGrath, G., O’Grady, L., O’Sullivan, P., Doherty, M. L., Graham, D. A. & More, S. J. (2018). Eradicating BVD, reviewing Irish programme data and model predictions to support prospective decision making. *Preventive Veterinary Medicine*, 150(November 2017), 151–161. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2017.11.017>.
- Turpo, C. R. (2021). Seroprevalencia de rinotraqueitis infecciosa bovina (rib) y diarrea viral bovina (dvb) en vacunos de las cuencas lecheras del distrito de antauta – melgar (tesis). In *Universidad Nacional del Altiplano, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia*. Recuperado de: <http://repositorio.unap.edu.pe/handle/UNAP/14458>.

- Valdez, E., Pacheco, I., Vergara, W., Pinto, J., Fernandez, F., Guzman, F. & Rivera, H. (2018). Detección de anticuerpos contra el virus de la diarrea viral en bovinos de la provincia de Anta, Cusco, Perú. In *Revista de Investigaciones Veterinarias del Peru* (Vol. 29, Issue 4). <https://doi.org/10.15381/rivep.v29i4.15187>.
- Valdez, G., Pacheco, P., Vergara, A., Pinto, L., Fernández, B., Guzmán, F., Navarro, M. & Rivera, G. (2018). Identificación de bovinos persistentemente infectados y genotipo del virus de la diarrea viral en bovinos de Anta, Cusco, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 29(4), 1527. <https://doi.org/10.15381/rivep.v29i4.15192>.
- Valdez, J., Ramiro, G., Rafael, A., Blanca, R. & Alondra, R. (2019). Impacto económico de la mortalidad y morbilidad por enfermedades en becerras lecheras. *Abanico Veterinario*, 9, 1–7. <https://doi.org/10.21929/abavet2019.920>.
- Vargas, D., Jairo, J. & Vera, V. (2009). Perspectivas para el control del virus de la diarrea viral bovina (BVDV). *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 22(4), 677–688.
- Villamil, V. V., Ramírez, G. C., Vera, V. J. & Jaime, J. A. (2018). Primera evidencia del Virus de Diarrea Viral Bovina (VDVB) genotipo 2 en Colombia. *Revista de La Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia*, 65(1). <https://doi.org/10.15446/rfmvz.v65n1.72020>.
- Villar, F. A., Sánchez, N. M., Flores, D. C. & Vilcahuamán, J. A. (2020). Seroconversion dynamics of bovine viral diarrhoea and neosporosis in dairy herds of the central highlands of Peru. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru*, 31(3), 1–10. <https://doi.org/10.15381/RIVEP.V31I3.18727>.
- Weber, M. N., Bauermann, F. V., Canal, C. W., Bayles, D. O., Neill, J. D. & Ridpath, J. F. (2017). Temporal dynamics of ‘HoBi’-like pestivirus quasispecies in persistently infected calves generated under experimental conditions. *Virus Research*, 227, 23–33. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2016.09.018>.
- Wernery, U. (2012). Bovine Viral Diarrhoea-an Emerging Disease in Camelids a Review. *American Journal of Virology*, 1(1), 9–17. <https://doi.org/10.3844/ajvsp.2012.9-17>.



- Wernike, K., Schirrneier, H., Strebelow, H. G. & Beer, M. (2017). Eradication of bovine viral diarrhea virus in Germany—Diversity of subtypes and detection of live-vaccine viruses. *Veterinary Microbiology*, 208(April), 25–29. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.07.009>.
- Yana, M. (2018). Seroprevalencia del virus de la diarrea viral bovina y rinotraqueitis infecciosa bovina en vacunos del centro de investigación y producción Chuquibambilla, Una - Puno. In *Universidad Nacional Del Altiplano*.
- Yeşilbağ, K., Alpaya, G. & Becher, P. (2017). Variability and global distribution of subgenotypes of bovine viral diarrhea virus. *Viruses*, 9(6). <https://doi.org/10.3390/v9060128>.
- Zeballos, R. H. (2010). *Clasificación y categorías de bovinos y ovinos*.



ANEXOS

Anexo 1. Tablas

Tabla 15

VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo

Nº	Nro. de Muestra	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observación	DO 450nm	Cociente M/P	Diagnostico
1	1	Camilo Huamani Sacsi	Vaca	>25	Hembra	-	0.374	0.10012484	NEGATIVO
2	3	Rosa Cruz Puma	Vaca	>25	Hembra	-	2.607	1.21523096	POSITIVO
3	6	Santusa Quispe Condori	Vaca	>25	Hembra	-	0.266	0.04619226	NEGATIVO
4	7	Florencia Yallercco de Huamani	Vaca	>25	Hembra	no preña	1.848	0.83620474	POSITIVO
5	8	Cecilio Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra	comprado	2.59	1.20674157	POSITIVO
6	12	Pablo Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra	comprado	0.304	0.06516854	NEGATIVO
7	15	Salvador Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	1.838	0.83121099	POSITIVO
8	19	Saturnina Llanllaya Choque	Vaca	>25	Hembra	-	0.172	-0.00074906	NEGATIVO
9	21	Juvenal Casquina Gómez	Vaca	>25	Hembra	-	2.587	1.20524345	POSITIVO
10	22	Alicia Ccorimanya Gonzales	Vaca	>25	Hembra	-	2.625	1.22421973	POSITIVO
11	23	Marcos Huamaní Llanllaya	Vaca	>25	Hembra	-	2.868	1.34556804	POSITIVO
12	26	Vicente Gómez Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	2.627	1.22521848	POSITIVO
13	27	Alejandro Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	3.117	1.46991261	POSITIVO
14	31	Efraín Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	1.52	0.67240949	POSITIVO
15	32	Florencia Casquina Aroni	Vaca	>25	Hembra	-	1.843	0.83370787	POSITIVO
16	33	Beto David Huamani Gómez	Vaca	>25	Hembra	-	2.63	1.2267166	POSITIVO
17	34	Beto David Huamani Gómez	Vaca	>25	Hembra	-	2.324	1.07390762	POSITIVO
18	35	Delfina Ccorimanya Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	2.471	1.14731586	POSITIVO
19	37	David Huamani Gómez	Vaca	>25	Hembra	-	1.127	0.47615481	POSITIVO
20	38	Guido Huamani Yallercco	Vaca	>25	Hembra	-	2.901	1.36204744	POSITIVO
21	43	Vidal Colque Anccasi	Vaca	>25	Hembra	-	2.981	1.4019975	POSITIVO
22	44	Josefina Quintana Ccorimanya	Vaca	>25	Hembra	-	2.475	1.14931336	POSITIVO
23	45	Josefina Quintana Ccorimanya	Vaca	>25	Hembra	-	2.462	1.14282147	POSITIVO
24	50	Celestino Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	0.536	0.18102372	NEGATIVO
25	53	Marcos Anccasi Roque	Vaca	>25	Hembra	-	2.55	1.18676654	POSITIVO
26	54	Andrés Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	2.395	1.1093633	POSITIVO
27	56	Clemente Llanllaya Anccasi	Vaca	>25	Hembra	-	2.627	1.22521848	POSITIVO
28	58	Fortunata Vilcas Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	0.15	-0.01173533	NEGATIVO
29	59	Fortunata Vilcas Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	0.47	0.14806492	NEGATIVO
30	60	Lucía Anccasi Vilcas	Vaca	>25	Hembra	-	0.15	-0.01173533	NEGATIVO
31	63	Alejandro Melitón Anccasi Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	2.614	1.21872659	POSITIVO
32	64	Bonifacia Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	2.299	1.06142322	POSITIVO
33	68	Porfirio Huamani Zevallos	Vaca	>25	Hembra	-	2.898	1.36054931	POSITIVO
34	72	Justina Quispe Anccasi	Vaca	>25	Hembra	-	2.798	1.31061174	POSITIVO
35	74	Roseline Casquina Condori	Vaca	>25	Hembra	-	2.079	0.95156055	POSITIVO
36	76	Salvador Casquina Yallercco	Vaca	>25	Hembra	-	0.194	0.0102372	NEGATIVO
37	78	Roger Casquina Anccasi	Vaca	>25	Hembra	-	0.225	0.02571785	NEGATIVO
38	81	Edgar Casquina Yallercco	Vaca	>25	Hembra	-	1.833	0.82871411	POSITIVO
39	82	Bertha Anccasi Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	2.207	1.01548065	POSITIVO
40	83	Juan Casquina Sacsi	Vaca	>25	Hembra	-	1.959	0.89163546	POSITIVO
41	87	Juan Anccasi Huamaní	Vaca	>25	Hembra	-	2.306	1.06491885	POSITIVO
42	88	Dorotea Anccasi Apaza	Vaca	>25	Hembra	-	2.662	1.24269663	POSITIVO
43	90	Wilfredo Cayo Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra	-	0.134	-0.01972534	NEGATIVO
44	5	Aniceto Aroni Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.24	0.03320849	NEGATIVO
45	10	Apolinaria Aroni Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.28	0.05318352	NEGATIVO

46	13	Pablo Huamani Casquina	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.509	1.16629213	POSITIVO
47	18	Octaviano Casquina Games	Vaquillona	12 a 24	Hembra	diarrea	1.895	0.85967541	POSITIVO
48	20	Juvenal Casquina Gómez	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.228	1.02596754	POSITIVO
49	28	Agripina Llanllaya Gonzales	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.864	1.34357054	POSITIVO
50	36	David Huamani Gómez	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.763	1.29313358	POSITIVO
51	40	Juana Yallercco Roque	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.582	1.20274657	POSITIVO
52	48	Simona Anccasi Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.752	0.78826467	POSITIVO
53	49	Simona Anccasi Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.499	0.16254682	NEGATIVO
54	65	Bonifacia Anccasi Huamani	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.916	0.8701623	POSITIVO
55	69	Cirilo Casquina Medina	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.445	0.13558052	NEGATIVO
56	70	Cecilia Checya Apaza	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.109	-0.03220974	NEGATIVO
57	77	Roger Casquina Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.525	1.17428215	POSITIVO
58	84	Epifanio Anccasi Casquina	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.499	1.16129838	POSITIVO
59	85	Paulina Huamani Yallercco	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	2.474	1.14881398	POSITIVO
60	14	Salvador Anccasi Huamani	Ternera	>6	Hembra	-	1.055	0.44019975	POSITIVO
61	17	Pedro Huamani Casquina	Ternera	>6	Hembra	-	2.413	1.11835206	POSITIVO
62	24	Marcos Huamaní Llanllaya	Ternera	>6	Hembra	-	2.661	1.24219725	POSITIVO
63	29	Celso Huamani Sacsí	Ternera	>6	Hembra	-	2.224	1.02397004	POSITIVO
64	52	Teófila Huamani Anccasi	Ternera	>6	Hembra	-	2.902	1.36254682	POSITIVO
65	55	Andrés Anccasi Huamani	Ternera	>6	Hembra	-	0.137	-0.01822722	NEGATIVO
66	57	Clemente Llanllaya Anccasi	Ternera	>6	Hembra	-	1.954	0.88913858	POSITIVO
67	62	Alejandro Melitón Anccasi Casquina	Ternera	>6	Hembra	-	2.54	1.18177278	POSITIVO
68	91	Yeni Casquina Ccorimanya	Ternera	>6	Hembra	-	0.144	-0.01473159	NEGATIVO
69	2	Camilo Huamani Sacsí	Toro	>25	Macho	-	2.916	1.36953808	POSITIVO
70	11	Florencia Yallercco de Huamani	Toro	>25	Macho	comprado	1.607	0.71585518	POSITIVO
71	30	Celso Huamani Sacsí	Toro	>25	Macho	-	1.705	0.76479401	POSITIVO
72	41	Víctor Colque Alaude	Toro	>25	Macho	-	1.936	0.88014981	POSITIVO
73	46	Gervasio Anccasi Huamani	Toro	>25	Macho	-	2.392	1.10786517	POSITIVO
74	66	Isidora Anccasi Casquina	Toro	>25	Macho	-	2.149	0.98651685	POSITIVO
75	73	Cirila Condori Huamani	Toro	>25	Macho	-	1.88	0.85218477	POSITIVO
76	75	Salvador Casquina Yallercco	Toro	>25	Macho	-	2.353	1.08838951	POSITIVO
77	79	Sabina Yallercco Gonzales	Toro	>25	Macho	-	2.195	1.00948814	POSITIVO
78	92	Benito Casquina Flores	Toro	>25	Macho	-	2.568	1.19575531	POSITIVO
79	4	Aniceto Aroni Anccasi	Torete	12 a 24	Macho	-	2.551	1.18726592	POSITIVO
80	16	Eloy Anccasi Gonzales	Torete	12 a 24	Macho	-	2.646	1.23470662	POSITIVO
81	25	Vicente Gómez Casquina	Torete	12 a 24	Macho	-	2.894	1.35855181	POSITIVO
82	39	Guido Huamani Yallercco	Torete	12 a 24	Macho	-	2.582	1.20274657	POSITIVO
83	42	Víctor Colque Alaude	Torete	12 a 24	Macho	-	2.554	1.18876404	POSITIVO
84	51	Celestino Anccasi Huamani	Torete	12 a 24	Macho	-	2.725	1.2741573	POSITIVO
85	61	Pablo Huamani Aroni	Torete	12 a 24	Macho	-	2.566	1.19475655	POSITIVO
86	71	Jaime Portilla Quispe	Torete	12 a 24	Macho	-	2.146	0.98501873	POSITIVO
87	86	Delfina Martha Huamani Inga	Torete	12 a 24	Macho	-	2.375	1.09937578	POSITIVO
88	89	Julio Anccasi Casquina	Torete	12 a 24	Macho	-	0.194	0.0102372	NEGATIVO
89	9	Cecilio Huamani Casquina	Ternero	>6	Macho	-	0.165	-0.00424469	NEGATIVO
90	47	Gervasio Anccasi Huamani	Ternero	>6	Macho	-	1.862	0.843196	POSITIVO
91	67	Isidora Anccasi Casquina	Ternero	>6	Macho	-	1.447	0.63595506	POSITIVO
92	80	Edgar Casquina Yallercco	Ternero	>6	Macho	-	2.013	0.91860175	POSITIVO

Tabla 16

VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhucchuyo - Santo Tomas Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observación	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	104	Urbina Ancalla, Bacilia	Vaca	>25	Hembra	-	1.028	6.96832579	NEGATIVO
2	106	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaca	>25	Hembra	-	1.088	1.53846154	NEGATIVO
3	107	Urbina Salhua, Margarita	Vaca	>25	Hembra	-	0.235	78.7330317	POSITIVO
4	113	Llamocca Salhua, Rivaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.229	79.2760181	POSITIVO
5	116	Chaco Ninaquispe, Margarita	Vaca	>25	Hembra	-	0.524	52.5791855	POSITIVO
6	117	Chavez Salhua, Edulfunsio	Vaca	>25	Hembra	-	0.563	49.0497738	NEGATIVO
7	118	Chavez Chaco, Sayda	Vaca	>25	Hembra	-	0.313	71.6742081	POSITIVO
8	120	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.971	12.1266968	NEGATIVO
9	121	Chavez Salhua, Efrain	Vaca	>25	Hembra	-	0.188	82.9864253	POSITIVO
10	122	Chavez Salhua, Efrain	Vaca	>25	Hembra	-	0.328	70.3167421	POSITIVO
11	123	Chavez Salhua, Efrain	Vaca	>25	Hembra	-	0.096	91.3122172	POSITIVO
12	130	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	1.059	4.16289593	NEGATIVO
13	131	Quispe Flores, Ruben	Vaca	>25	Hembra	-	0.09	91.8552036	POSITIVO
14	132	Quispe Janampa, Vernaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.226	79.5475113	POSITIVO
15	135	Quispe Janampa, Vernaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.155	85.9728507	POSITIVO
16	136	Quispe Anccasi, Bernardino	Vaca	>25	Hembra	-	0.941	14.841629	NEGATIVO
17	138	Quispe Anccasi, Bernardino	Vaca	>25	Hembra	diarrea	0.228	79.3665158	POSITIVO
18	140	Quispe Anccasi, Bernardino	Vaca	>25	Hembra	-	0.138	87.5113122	POSITIVO
19	142	Flores Chauca, Sepriano	Vaca	>25	Hembra	-	0.172	84.4343891	POSITIVO
20	145	Anccasi Salhua, Marleny	Vaca	>25	Hembra	-	0.409	62.9864253	POSITIVO
21	146	Urbina Ancalla, Bacilia	Vaca	>25	Hembra	-	1.012	8.41628959	NEGATIVO
22	149	Challa Urbina, Sandra	Vaca	>25	Hembra	-	0.15	86.4253394	POSITIVO
23	150	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaca	>25	Hembra	-	0.981	11.2217195	NEGATIVO
24	156	Llamocca Salhua, Rivaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.898	18.7330317	NEGATIVO
25	157	Vargas Sanja, Karina	vaca	>25	Hembra	-	0.947	14.2986425	NEGATIVO
26	160	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.981	11.2217195	NEGATIVO
27	161	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.958	13.3031674	NEGATIVO
28	164	Chaco Ninaquispe, Margarita	Vaca	>25	Hembra	-	0.909	17.7375566	NEGATIVO
29	167	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	0.218	80.2714932	POSITIVO
30	168	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	0.875	20.8144796	NEGATIVO
31	169	Huayhua Apfata, Natalia	Vaca	>25	Hembra	-	0.986	10.7692308	NEGATIVO
32	170	Huayhua Apfata, Natalia	Vaca	>25	Hembra	-	1.032	6.60633484	NEGATIVO
33	172	Quispe Anccasi, Bernardino	Vaca	12 a 24	Hembra	-	0.991	10.3167421	NEGATIVO
34	175	Salhua Challa, Rosaura	Vaca	>25	Hembra	-	0.175	84.1628959	POSITIVO
35	177	Quispe Janampa, Vernaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.953	13.7556561	NEGATIVO
36	103	Challa Urbina, Sandra	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.039	5.97285068	NEGATIVO
37	109	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.084	92.39819	POSITIVO
38	112	Salhua Challa, Rosario	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.019	7.78280543	NEGATIVO
39	125	Chavez Panihuara, Percy	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.307	72.2171946	POSITIVO

40	134	Janampa Quispe, Martina	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.953	13.7556561	NEGATIVO
41	139	Huayhua Apfata, Natalia	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.105	90.4977376	POSITIVO
42	141	Quispe Janampa, Marleny	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.141	87.239819	POSITIVO
43	152	Ancasi Chavez, Edgar	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.175	84.1628959	POSITIVO
44	153	Ancasi Chavez, Edgar	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.929	15.9276018	NEGATIVO
45	166	Quispe Janampa, Marleny	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.962	12.9411765	NEGATIVO
46	173	Flores Chauca, Sepriano	Vaquillona	12 a 24	Hembra	Comprado ferias	0.603	45.4298643	NEGATIVO
47	174	Flores Chauca, Sepriano	Vaquillona	13 a 24	Hembra	-	0.15	86.4253394	POSITIVO
48	178	Quispe Janampa, Vernaldo	Vaquillona	>25	Hembra	-	1.121	-1.4479638	NEGATIVO
49	110	Salhua Challa, Rosaura	Ternerera	>6	Hembra	Comprado	0.916	17.1040724	NEGATIVO
50	119	Chavez Chaco, Jhon Alex	Ternerera	>6	Hembra	-	0.221	80.6523894	POSITIVO
51	126	Panihuara Huayhua, Cristina	Ternerera	>6	Hembra	-	0.091	91.7647059	POSITIVO
52	128	Chavez Quispe, Miguel Angel	Ternerera	>6	Hembra	-	0.933	15.5656109	NEGATIVO
53	144	Ancasi Salhua, Marleny	Ternerera	>6	Hembra	-	0.977	11.5837104	NEGATIVO
54	148	Challa Urbina, Sandra	Ternerera	>6	Hembra	-	0.916	17.1040724	NEGATIVO
55	158	Vargas Sanja, Karina	Ternerera	>6	Hembra	-	1.004	9.14027149	NEGATIVO
56	105	Chavez Chiccaña, Cesilio	Toro	>25	Macho	-	0.386	65.0678733	POSITIVO
57	111	Salhua Challa, Rosaura	Toro	>25	Macho	-	0.989	10.4977376	NEGATIVO
58	114	Vargas Sanja, Karina	Toro	>25	Macho	-	0.175	84.1628959	POSITIVO
59	137	Huayhua Apfata, Natalia	Toro	>25	Macho	-	0.286	74.1176471	POSITIVO
60	143	Ancasi Salhua, Marleny	Toro	>25	Macho	-	0.922	16.561086	NEGATIVO
61	147	Urbina Ancalla, Bacilia	Toro	>25	Macho	-	0.967	12.4886878	NEGATIVO
62	154	Llamocca Salhua, Rivaldo	Toro	>25	Macho	-	1.018	7.87330317	NEGATIVO
63	159	Vargas Sanja, Karina	Toro	>25	Macho	-	0.35	68.3257919	POSITIVO
64	165	Quispe Janampa, Marleny	Toro	>25	Macho	-	0.913	17.3755656	NEGATIVO
65	171	Huayhua Apfata, Natalia	Toro	>25	Macho	-	1.086	1.71945701	NEGATIVO
66	101	Ancasi Salhua, Marleny	Torete	>25	Macho	-	0.242	78.0995475	POSITIVO
67	108	Ancasi Chavez, Edgar	Torete	>25	Macho	-	0.287	74.0271493	POSITIVO
68	115	Llamocca Salhua, Maria Esabel	Torete	>6	Macho	-	0.158	85.7013575	POSITIVO
69	124	Salhua Vargas, Vartola	Torete	12 a 24	Macho	Comprado ferias	0.94	14.9321267	NEGATIVO
70	127	Quispe Janampa, Marleny	Torete	12 a 24	Macho	-	0.903	18.280543	NEGATIVO
71	129	Chavez Quispe, Shirley	Torete	13 a 24	Macho	-	0.151	86.3348416	POSITIVO
72	151	Panihuara Huamani, Abelardo	Torete	12 a 24	Macho	-	0.907	17.918552	NEGATIVO
73	155	Llamocca Salhua, Rivaldo	Torete	12 a 24	Macho	-	0.363	67.1493213	POSITIVO
74	162	Chaco Ninaquispe, Margarita	Torete	12 a 24	Macho	-	0.966	12.5791855	NEGATIVO
75	176	Salhua Challa, Rosaura	Torete	12 a 24	Macho	-	0.385	65.158371	POSITIVO
76	102	Urbina Ancalla, Bacilia	Ternerera	>25	Macho	-	0.266	75.9276018	POSITIVO
77	133	Quispe Flores, Ruben	Ternerera	>6	Macho	-	0.929	15.9276018	NEGATIVO
78	163	Chaco Ninaquispe, Margarita	Ternerera	>6	Macho	-	0.99	10.4072398	NEGATIVO

Tabla 17

VACUNO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad Anchayaque – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	2	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	1.126	2.25694444	NEGATIVO
2	3	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.138	88.0208333	POSITIVO
3	4	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.171	85.15625	POSITIVO
4	5	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.223	80.6423611	POSITIVO
5	7	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.192	83.3333333	POSITIVO
6	11	Epifania Gomez Capchi	Vaca	>25	Hembra	-	0.169	85.3298611	POSITIVO
7	12	Epifania Gomez Capchi	Vaca	>25	Hembra	-	0.204	82.2916667	POSITIVO
8	13	Epifania Gomez Capchi	Vaca	>25	Hembra	-	0.568	50.6944444	POSITIVO
9	15	Epifania Gomez Capchi	Vaca	>25	Hembra	-	0.302	73.7847222	POSITIVO
10	20	Aparicio Morjuto C	Vaca	>25	Hembra	-	1.109	3.73263889	NEGATIVO
11	21	Aparicio Morjuto C	Vaca	>25	Hembra	-	0.126	89.0625	POSITIVO
12	22	Aparicio Morjuto C	Vaca	>25	Hembra	-	1.113	3.38541667	NEGATIVO
13	27	Constantino Chipa H	Vaca	>25	Hembra	-	0.692	39.9305556	NEGATIVO
14	29	Constantino Chipa H	Vaca	12 a 24	Hembra	-	1.145	0.60763889	NEGATIVO
15	32	Benito Uracchahua Salhua	Vaca	>25	Hembra	-	0.146	87.3263889	POSITIVO
16	33	Benito Uracchahua Salhua	Vaca	>25	Hembra	-	0.163	85.8506944	POSITIVO
17	34	Benito Uracchahua Salhua	Vaca	>25	Hembra	-	0.125	89.1493056	POSITIVO
18	38	Bernardino Uracchahua	Vaca	>25	Hembra	-	0.145	87.4131944	POSITIVO
19	39	Bernardino Uracchahua	Vaca	>25	Hembra	-	0.146	87.3263889	POSITIVO
20	40	Sinforosa Chauca Jauja	Vaca	>25	Hembra	-	0.48	58.3333333	POSITIVO
21	41	Sinforosa Chauca Jauja	Vaca	>25	Hembra	-	0.093	91.9270833	POSITIVO
22	46	Constantino Chipa H	Vaca	>25	Hembra	-	1.095	4.94791667	NEGATIVO
23	47	Constantino Chipa H	Vaca	>25	Hembra	-	1.137	1.30208333	NEGATIVO
24	48	Teresa Huisa Ch	Vaca	>25	Hembra	-	1.004	12.8472222	NEGATIVO
25	50	Teresa Huisa Ch	Vaca	>25	Hembra	-	1.094	5.03472222	NEGATIVO
26	51	Edilberto Chalco A	Vaca	>25	Hembra	-	0.97	15.7986111	NEGATIVO
27	58	Roman Huilca L	Vaca	>25	Hembra	-	0.309	73.1770833	POSITIVO
28	59	Roman Huilca L	Vaca	>25	Hembra	-	0.119	89.6701389	POSITIVO
29	60	Roman Huilca L	Vaca	>25	Hembra	-	0.327	71.6145833	POSITIVO
30	73	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.298	74.1319444	POSITIVO
31	74	Angela Chahua Chalco	Vaca	>25	Hembra	-	0.235	79.6006944	POSITIVO
32	84	Alfonso Villafuerte	Vaca	>25	Hembra	-	1.018	11.6319444	NEGATIVO
33	85	Alfonso Villafuerte	Vaca	>25	Hembra	-	0.328	71.52777	POSITIVO
34	9	Epifania Gomez Capchi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.127	88.9756944	POSITIVO
35	10	Epifania Gomez Capchi	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.109	90.5381944	POSITIVO
36	17	Pablo Huayhua Ch	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.078	93.2291667	POSITIVO
37	24	Percy Ccorpuna C	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.071	93.8368056	POSITIVO
38	26	Constantino Chipa H	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.042	9.54861111	NEGATIVO
39	35	Benito Uracchahua Salhua	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.313	72.8298611	POSITIVO
40	37	Benito Uracchahua Salhua	Vaquillona	12 a 24	Hembra	Comprado feria	0.142	87.6736111	POSITIVO
41	42	Bernardino Uracchahua	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.077	93.3159722	POSITIVO

42	43	Bernardino Uracchahua	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.091	92.1006944	POSITIVO
43	49	Teresa Huisa Ch	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.275	76.1284722	POSITIVO
44	54	Edilberto Chalco A	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	1.086	5.72916667	NEGATIVO
45	55	Edilberto Chalco A	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.334	71.0069444	POSITIVO
46	61	Roman Huillca L	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.158	86.2847222	POSITIVO
47	62	Roman Huillca L	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.201	82.5520833	POSITIVO
48	65	Roman Huillca L	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.178	84.5486111	POSITIVO
49	66	Jolver Chipa Ch	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.309	73.1770833	POSITIVO
50	72	Angela Chahua Chalco	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.449	61.0243056	POSITIVO
51	76	Angela Chahua Chalco	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.141	87.7604167	POSITIVO
52	8	Epifania Gomez Capchi	Ternera	>6	Hembra	-	0.45	60.9375	POSITIVO
53	14	Epifania Gomez Capchi	Ternera	>6	Hembra	Diarrea	0.113	90.1909722	POSITIVO
54	18	Pablo Huayhua Ch	Ternera	>6	Hembra	-	0.145	87.4131944	POSITIVO
55	30	Samuel Uracchahua Salhua	Ternera	>6	Hembra	-	0.196	82.9861111	POSITIVO
56	52	Edilberto Chalco A	Ternera	>6	Hembra	-	0.143	87.5868056	POSITIVO
57	57	Roman Huillca L	Ternera	>6	Hembra	-	0.463	59.8090278	POSITIVO
58	68	Jolver Chipa Ch	Ternera	6 a 12	Hembra	-	1.042	9.54861111	NEGATIVO
59	77	Angela Chahua Chalco	Ternera	>6	Hembra	-	0.901	21.7881944	NEGATIVO
60	79	Angela Chahua Chalco	Ternera	>6	Hembra	-	0.87	24.4791667	NEGATIVO
61	6	Angela Chahua Chalco	Toro	>25	Macho	-	0.137	88.1076389	POSITIVO
62	16	Pablo Huayhua Ch	Toro	>25	Macho	-	0.085	92.6215278	POSITIVO
63	28	Constantino Chipa H	Toro	>25	Macho	-	0.184	84.0277778	POSITIVO
64	31	Samuel Uracchahua Salhua	Toro	>25	Macho	-	1.051	8.76736111	NEGATIVO
65	45	Bernardino Uracchahua	Toro	>25	Macho	-	0.276	76.0416667	POSITIVO
66	53	Edilberto Chalco A	Toro	>25	Macho	-	0.186	83.8541667	POSITIVO
67	63	Roman Huillca L	Toro	>25	Macho	-	0.326	71.7013889	POSITIVO
68	70	Jolver Chipa Ch	Toro	>25	Macho	-	0.106	90.7986111	POSITIVO
69	71	Jolver Chipa Ch	Toro	>25	Macho	-	0.27	76.5625	POSITIVO
70	80	Angela Chahua Chalco	Toro	>25	Macho	-	0.204	82.2916667	POSITIVO
71	1	Angela Chahua Chalco	Torete	12 a 24	Macho	-	0.108	90.625	POSITIVO
72	19	Aparicio Morjuto C	Torete	12 a 24	Hembra	-	0.304	73.6111111	POSITIVO
73	23	Percy Ccorpuna C	Torete	12 a 24	Macho	-	0.204	82.2916667	POSITIVO
74	36	Benito Uracchahua Salhua	Torete	12 a 24	Macho	-	1.15	0.17361111	NEGATIVO
75	64	Roman Huillca L	Torete	12 a 24	Macho	-	0.151	86.8923611	POSITIVO
76	69	Jolver Chipa Ch	Torete	12 a 24	Macho	-	0.17	85.2430556	POSITIVO
77	75	Alfonso Villafuerte	Torete	12 a 24	Macho	-	0.408	64.5833333	POSITIVO
78	78	Angela Chahua chalco	Torete	12 a 24	Hembra	-	0.223	80.6423611	POSITIVO
79	81	Angela Chahua Chalco	Torete	>25	Macho	-	1.031	10.5034722	NEGATIVO
80	83	Angela Chahua Chalco	Torete	13 a 24	Macho	-	0.95	17.5347222	NEGATIVO
81	25	Percy Ccorpuna C	Ternero	>6	Macho	-	0.21	81.7708333	POSITIVO
82	44	Bernardino Uracchahua	Ternero	>6	Macho	-	0.126	89.0625	POSITIVO
83	56	Edilberto Chalco A	Ternero	>6	Macho	-	0.506	56.0763889	POSITIVO
84	67	Jolver Chipa Ch	Ternero	6 a 12	Macho	-	0.959	16.7534722	NEGATIVO
85	82	Angela Chahua Chalco	Ternero	>6	Macho	-	0.244	78.8194444	POSITIVO

Tablas 18

OVINO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre - San Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	1	Camilo Huamani Sacsí	Borrega	>18	Hembra	-	1.085	9.84628168	NEGATIVO
2	2	Camilo Huamani Sacsí	Borrega	>18	Hembra	-	1.202	0.12463648	NEGATIVO
3	3	Rosa Cruz Puma	Borrega	>18	Hembra	-	0.502	58.2883257	POSITIVO
4	4	Aniceto Aroni Ancasí	Borrega	>18	Hembra	-	1.116	7.27046115	NEGATIVO
5	8	Cecilio Huamani Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	1.028	14.5824678	NEGATIVO
6	9	Cecilio Huamani Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	1.11	7.76900706	NEGATIVO
7	10	Apolinaria Aroni Ancasí	Borrega	>18	Hembra	aborto	1.106	8.101371	NEGATIVO
8	16	Eloy Ancasí Gonzales	Borrega	>18	Hembra	-	1.181	1.86954715	NEGATIVO
9	17	Pedro Huamani Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	1.111	7.68591608	NEGATIVO
10	18	Octaviano Casquina Games	Borrega	>18	Hembra	-	1.029	14.4993768	NEGATIVO
11	19	Saturnina Llanllaya Choqqe	Borrega	>18	Hembra	-	1.036	13.9177399	NEGATIVO
12	29	Celso Huamani Sacsí	Borrega	>18	Hembra	-	1.044	13.253012	NEGATIVO
13	30	Celso Huamani Sacsí	Borrega	>18	Hembra	-	1.005	16.4935604	NEGATIVO
14	37	David Huamani Gómez	Borrega	>18	Hembra	-	1.001	16.8259244	NEGATIVO
15	38	Guido Huamani Yallercco	Borrega	>18	Hembra	-	1.101	8.51682592	NEGATIVO
16	39	Guido Huamani Yallercco	Borrega	>18	Hembra	-	1.008	16.2442875	NEGATIVO
17	40	Juana Yallercco Roque	Borrega	>18	Hembra	-	0.982	18.4046531	NEGATIVO
18	41	Víctor Colque Alaude	Borrega	>18	Hembra	-	0.482	59.9501454	POSITIVO
19	44	Josefina Quintana Ccorimanya	Borrega	>18	Hembra	aborto	1.049	12.8375571	NEGATIVO
20	45	Josefina Quintana Ccorimanya	Borrega	>18	Hembra	-	1.039	13.668467	NEGATIVO
21	50	Celestino Ancasí Huamani	Borrega	>18	Hembra	-	1.049	12.8375571	NEGATIVO
22	51	Celestino Ancasí Huamani	Borrega	>18	Hembra	-	0.912	24.221022	NEGATIVO
23	56	Clemente Llanllaya Ancasí	Borrega	>18	Hembra	-	0.989	17.8230162	NEGATIVO
24	57	Clemente Llanllaya Ancasí	Borrega	>18	Hembra	-	0.945	21.4790195	NEGATIVO
25	58	Fortunata Vilcas Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	1.017	15.4964686	NEGATIVO
26	62	Alejandro Melitón Ancasí Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	1.006	16.4104695	NEGATIVO
27	63	Alejandro Melitón Ancasí Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	0.959	20.3157457	NEGATIVO
28	64	Bonifacia Ancasí Huamani	Borrega	>18	Hembra	-	0.941	21.8113835	NEGATIVO
29	65	Bonifacia Ancasí Huamani	Borrega	>18	Hembra	-	0.974	19.069381	NEGATIVO
30	66	Isidora Ancasí Casquina	Borrega	>18	Hembra	-	0.423	64.8525135	POSITIVO
31	71	Ancasí Salhua, Marleny	Borrega	>18	Hembra	-	1.083	10.0124636	NEGATIVO
32	72	Flores Chauca, Sepriano	Borrega	>18	Hembra	-	0.968	19.5679269	NEGATIVO
33	81	Quispe Afpata, Giorgina	Borrega	>18	Hembra	-	0.951	20.9804736	NEGATIVO
34	82	Quispe Afpata, Wilfredo	Borrega	>18	Hembra	-	1	16.9090154	NEGATIVO
35	85	Quispe Afpata, Alfonso	Borrega	>18	Hembra	-	1.159	3.69754882	NEGATIVO
36	86	Quispe Ahuate, Julver	Borrega	>18	Macho	-	1.155	4.02991275	NEGATIVO
37	89	Salhua Chavez, Aurelio	Borrega	>18	Hembra	-	1.094	9.09846282	NEGATIVO
38	90	Challa De Salhua, Petrolina	Borrega	>18	Hembra	-	1.09	9.43082676	NEGATIVO
39	91	Challa De Salhua, Petrolina	Borrega	>18	Hembra	-	1.079	10.3448276	NEGATIVO
40	5	Aniceto Aroni Ancasí	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.074	10.7602825	NEGATIVO
41	6	Santusa Quispe Condori	Borreguilla	>6	Hembra	Diarrea	1.157	3.86373079	NEGATIVO
42	11	Florencia Yallercco de Huamani	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.117	7.18737017	NEGATIVO
43	12	Pablo Huamani Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.203	0.04154549	NEGATIVO
44	13	Pablo Huamani Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.014	15.7457416	NEGATIVO
45	20	Juvenal Casquina Gómez	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.024	14.9148317	NEGATIVO
46	21	Juvenal Casquina Gómez	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.072	10.9264645	NEGATIVO

47	23	Marcos Huamaní Llanllaya	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.02	15.2471957	NEGATIVO
48	24	Marcos Huamaní Llanllaya	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.012	15.9119236	NEGATIVO
49	26	Vicente Gómez Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	2.293	-90.5276278	NEGATIVO
50	31	Efraín Huamani Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.046	13.0868301	NEGATIVO
51	32	Florencia Casquina Aroni	Borreguilla	5 a 17	Hembra	Diarrea	0.963	19.9833818	NEGATIVO
52	35	Delfina Ccorimanya Huamani	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.012	15.9119236	NEGATIVO
53	36	David Huamani Gómez	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.998	17.0751973	NEGATIVO
54	46	Gervasio Anccasi Huamani	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.05	12.7544661	NEGATIVO
55	47	Gervasio Anccasi Huamani	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.057	12.1728292	NEGATIVO
56	48	Simona Anccasi Anccasi	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1	16.9090154	NEGATIVO
57	52	Teófila Huamani Anccasi	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.901	25.1350229	NEGATIVO
58	53	Marcos Anccasi Roque	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.085	9.84628168	NEGATIVO
59	59	Fortunata Vilcas Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.83	31.0344828	NEGATIVO
60	67	Isidora Anccasi Casquina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.004	16.5766514	NEGATIVO
61	70	Cecilia Checya Apaza	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.059	12.0066473	NEGATIVO
62	74	Anccasi Salhua, Marleny	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.98	18.5708351	NEGATIVO
63	75	Flores Chauca, Sepriano	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.981	18.4877441	NEGATIVO
64	78	Ahuate Quispe, Reyna	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.055	12.3390112	NEGATIVO
65	88	Salhua Chavez, Aurelio	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.151	4.36227669	NEGATIVO
66	7	Florencia Yallercco de Huamani	Carnero	>18	Macho	-	1.04	13.585376	NEGATIVO
67	15	Salvador Anccasi Huamani	Carnero	>18	Macho	-	0.991	17.6568342	NEGATIVO
68	22	Alicia Ccorimanya Gonzales	Carnero	>18	Macho	-	0.835	30.6190278	NEGATIVO
69	28	Agripina Llanllaya Gonzales	Carnero	>18	Macho	-	1.023	14.9979227	NEGATIVO
70	34	Beto David Huamani Gómez	Carnero	>18	Macho	-	0.975	18.98629	NEGATIVO
71	43	Vidal Colque Anccasi	Carnero	>18	Macho	-	1.086	9.76319069	NEGATIVO
72	55	Andrés Anccasi Huamani	Carnero	>18	Macho	-	0.993	17.4906523	NEGATIVO
73	61	Pablo Huamani Aroni	Carnero	>18	Macho	-	1.272	-5.69173245	NEGATIVO
74	69	Cirilo Casquina Medina	Carnero	>18	Macho	-	1.042	13.419194	NEGATIVO
75	76	Quispe Ahuate, Julver	Carnero	>18	Macho	-	0.458	61.944329	POSITIVO
75	84	Quispe Afpata, Giorgina	Carnero	>18	Macho	-	0.957	20.4819277	NEGATIVO
77	92	Challa De Salhua, Petrolina	Carnero	>18		-	0.972	19.2355629	NEGATIVO
78	14	Salvador Anccasi Huamani	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.04	13.585376	NEGATIVO
79	25	Vicente Gómez Casquina	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.123	6.68882426	NEGATIVO
80	27	Alejandro Huamani Casquina	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.008	16.2442875	NEGATIVO
81	33	Beto David Huamani Gómez	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.993	17.4906523	NEGATIVO
82	42	Victor Colque Alaude	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.99	17.7399252	NEGATIVO
83	49	Simona Anccasi Anccasi	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.063	11.6742833	NEGATIVO
84	54	Andrés Anccasi Huamani	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.116	7.27046115	NEGATIVO
85	60	Lucía Anccasi Vilcas	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.984	18.2384711	NEGATIVO
86	68	Porfirio Huamani Zevallos	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.92	23.5562941	NEGATIVO
87	73	Anccasi Salhua, Marleny	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.999	16.9921064	NEGATIVO
88	77	Quispe Flores, Maximiliano	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.057	12.1728292	NEGATIVO
89	79	Quispe Flores, Maximiliano	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.005	16.4935604	NEGATIVO
90	80	Ahuate Quispe, Reyna	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.971	19.3186539	NEGATIVO
91	83	Quispe Afpata, Wilfredo	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.942	21.7282925	NEGATIVO
92	87	Salhua Chavez, Aurelio	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.082	10.0955546	NEGATIVO

Tabla 19

OVINO: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhuacchuyo – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. 450nm	Cociente	Diagnostico
1	1	Flores Chacnama, Amilcar Pare	Borrega	>18	Hembra	-	1.043	4.74885845	NEGATIVO
2	2	Flores Chacnama, Adelayda	Borrega	>18	Hembra	-	1.203	-9.8630137	NEGATIVO
3	7	Tintaya Chacnama, Uriel	Borrega	>18	Hembra	no preña	0.988	9.7716895	NEGATIVO
4	8	Tintaya Alcahuaman, Alipio	Borrega	>18	Hembra	comprado	0.943	13.8812785	NEGATIVO
5	11	Llamocca Salhua, Rivaldo	Borrega	>18	Hembra	comprado	0.998	8.85844749	NEGATIVO
6	12	Vargas Sanja, Karina	Borrega	>18	Hembra	comprado	1.047	4.38356164	NEGATIVO
7	17	Chavez Chaco, Jhon Alex	Borrega	>18	Hembra	-	0.955	12.7853881	NEGATIVO
8	18	Salhua Vargas, Vartola	Borrega	>18	Hembra	diarrea	1.036	5.38812785	NEGATIVO
9	19	Chavez Salhua, Efrain	Borrega	>18	Hembra	-	0.975	10.9589041	NEGATIVO
10	27	Chavez Quispe, Shirley	Borrega	>18	Hembra	aborto	0.995	9.13242009	NEGATIVO
11	28	Janampa Quispe, Martina	Borrega	>18	Hembra	-	1.03	5.93607306	NEGATIVO
12	29	Quispe Flores, Ruben	Borrega	>18	Hembra	-	1.135	-3.65296804	NEGATIVO
13	30	Quispe Janampa, Vernaldo	Borrega	>18	Hembra	-	0.935	14.6118721	NEGATIVO
14	31	Quispe Flores, Ruben	Borrega	>18	Hembra	-	0.886	19.086758	NEGATIVO
15	32	Janampa Quispe, Martina	Borrega	>18	Hembra	-	0.822	24.9315068	NEGATIVO
16	37	Huayhua Apfata, Natalia	Borrega	>18	Hembra	-	0.494	54.8858447	POSITIVO
17	38	Quispe Huayhua, Alex	Borrega	>18	Hembra	-	0.984	10.1369863	NEGATIVO
18	39	Apfata Carate, Elena	Borrega	>18	Hembra	-	1.001	8.58447489	NEGATIVO
19	40	Quispe Ancasi, Adrian	Borrega	>18	Hembra	-	0.9	17.8082192	NEGATIVO
20	44	Llamocca Ccallo, Fernando	Borrega	>18	Hembra	-	0.467	57.3515982	POSITIVO
21	45	Tintaya Huayhua, Modista	Borrega	>18	Hembra	-	1.059	3.28767123	NEGATIVO
22	46	Tintaya Huayhua, Modista	Borrega	>18	Hembra	-	1.002	8.49315068	NEGATIVO
23	47	Tintaya Huayhua, Modista	Borrega	>18	Hembra	-	1.007	8.03652968	NEGATIVO
24	50	Ancasi Salhua, Marleny	Borrega	>18	Hembra	-	1.071	2.19178082	NEGATIVO
25	51	Ancasi Salhua, Marleny	Borrega	>18	Hembra	-	0.925	15.5251142	NEGATIVO
26	52	Flores Chauca, Sepriano	Borrega	>18	Hembra	-	1.06	3.19634703	NEGATIVO
27	53	Quispe Ahuate, Julver	Borrega	>18	Hembra	aborto	0.962	12.1461187	NEGATIVO
28	54	Quispe Flores, Maximiliano	Borrega	>18	Hembra	-	1.041	4.93150685	NEGATIVO
29	55	Ahuate Quispe, Reyna	Borrega	>18	Hembra	-	1.004	8.31050228	NEGATIVO
30	61	Quispe Apfata, Giorgina	Borrega	>18	Hembra	-	1.152	-5.20547945	NEGATIVO
31	62	Quispe Apfata, Alfonso	Borrega	>18	Hembra	-	1.081	1.27853881	NEGATIVO
32	63	Quispe Ahuate, Julver	Borrega	>18	Hembra	-	0.98	10.5022831	NEGATIVO
33	64	Salhua Chavez, Aurelio	Borrega	>18	Hembra	-	0.994	9.22374429	NEGATIVO
34	65	Salhua Chavez, Aurelio	Borrega	>18	Hembra	-	0.976	10.8675799	NEGATIVO
35	66	Salhua Chavez, Aurelio	Borrega	>18	Hembra	-	1.025	6.39269406	NEGATIVO
36	72	Ancasi Panihuara, Orlando	Borrega	>18	Hembra	-	0.988	9.7716895	NEGATIVO
37	73	Chavez Salhua, Grimaldina	Borrega	>18	Hembra	-	1.042	4.84018265	NEGATIVO
38	74	Ancasi Panihuara, Orlando	Borrega	>18	Hembra	-	1.451	-32.5114155	NEGATIVO
39	85	Panihuara Huamani, Abelardo	Borrega	>18	Hembra	-	0.203	80.8400189	POSITIVO
40	92	Chaco Ninaquispe, Margarita	Borrega	>18	Hembra	-	1.049	4.20091324	NEGATIVO
41	3	Challa Folres, Yerisa Lisbeth	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.077	1.64383562	NEGATIVO
42	14	Chaco Ninaquispe, Margarita	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.035	5.47945205	NEGATIVO
43	21	Chavez Salhua, Efrain	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.136	-3.74429224	NEGATIVO
44	22	Salhua Vargas, Vartola	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.108	-1.18721461	NEGATIVO
45	24	Panihuara Huayhua, Cristina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.991	9.49771689	NEGATIVO
46	26	Chavez Quispe, Miguel Angel	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.998	8.85844749	NEGATIVO
47	35	Huayhua Apfata, Natalia	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.036	5.38812785	NEGATIVO

48	36	Quispe Ancasí, Bernardino	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.899	17.8995434	NEGATIVO
49	42	Tintaya Huamani, Ricardo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.941	14.0639269	NEGATIVO
50	43	Llamocca Ccallo, Fernando	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.555	49.3150685	NEGATIVO
51	56	Quispe Flores, Maximiliano	Borreguillas	5 a 17	Hembra	-	0.917	16.2557078	NEGATIVO
52	57	Ahuate Quispe, Reyna	Borreguillas	5 a 17	Hembra	-	0.952	13.0593607	NEGATIVO
53	58	Quispe Afpata, Giorgina	Borreguillas	5 a 17	Hembra	-	1	8.67579909	NEGATIVO
54	67	Challa De Salhua, Petrolina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.009	7.85388128	NEGATIVO
55	68	Challa De Salhua, Petrolina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.07	2.28310502	NEGATIVO
56	69	Challa De Salhua, Petrolina	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.789	-63.3789954	NEGATIVO
57	75	Salhua Panihuara, Marcelo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.012	7.57990868	NEGATIVO
58	76	Salhua Challa, Alejo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.994	9.22374429	NEGATIVO
59	77	Salhua Panihuara, Marcelo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.072	2.10045662	NEGATIVO
60	78	Salhua Challa, Alejo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.142	-4.29223744	NEGATIVO
61	80	Salhua Panihuara, Marcelo	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.995	9.13242009	NEGATIVO
62	82	Motte Flores, Maximiliano	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.006	8.12785388	NEGATIVO
63	83	Tintaya Salhua, Milagros	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.049	4.20091324	NEGATIVO
64	84	Ancasí Chavez, Edgar	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.017	7.12328767	NEGATIVO
65	88	Salhua Challa, Rosario	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.046	4.47488584	NEGATIVO
66	4	Challa Alcahuaman, Braulio	Carnero	>18	Macho	-	1.66	-51.5981735	NEGATIVO
67	5	Chacnama Ancasí, Martina	Carnero	>18	Macho	-	1.03	5.93607306	NEGATIVO
68	9	Llamocca Ccallo, Edwardo	Carnero	>18	Macho	-	0.992	9.40639269	NEGATIVO
69	13	Llamocca Salhua, María Esabel	Carnero	>18	Macho	-	1.828	-66.9406393	NEGATIVO
70	15	Chavez Salhua, Edulfunsio	Carnero	>18	Macho	-	1.018	7.03196347	NEGATIVO
71	23	Chavez Panihuara, Percy	Carnero	>18	Macho	-	1.141	-4.20091324	NEGATIVO
72	25	Quispe Janampa, Marleny	Carnero	>18	Macho	-	0.959	12.4200913	NEGATIVO
73	34	Quispe Ancasí, Bernardino	Carnero	>18	Macho	-	0.998	8.85844749	NEGATIVO
74	48	Ancasí Salhua, Marleny	Carnero	>18	Macho	-	0.984	10.1369863	NEGATIVO
75	59	Quispe Afpata, Wilfredo	Carnero	>18	Macho	-	1.067	2.55707763	NEGATIVO
76	70	Ancasí Panihuara, Orlando	Carnero	>18	Macho	-	1.071	2.19178082	NEGATIVO
77	71	Chavez Salhua, Grimaldina	Carnero	>18	Macho	-	1.063	2.92237443	NEGATIVO
78	79	Salhua Challa, Alejo	Carnero	>18	Macho	-	1.013	7.48858447	NEGATIVO
79	81	Motte Flores, Maximiliano	Carnero	>18	Macho	-	1.022	6.66666667	NEGATIVO
80	87	Salhua Challa, Rosaura	Carnero	>18	Macho	-	1.128	-3.01369863	NEGATIVO
81	6	Tintaya Chacnama, Yaquelin	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.035	5.47945205	NEGATIVO
82	10	Salhua Challa, Rosario	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.047	4.38356164	NEGATIVO
83	16	Chavez Chaco, Sayda	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.061	3.10502283	NEGATIVO
84	20	Chavez Salhua, Efrain	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.127	-2.92237443	NEGATIVO
85	33	Quispe Janampa, Vernaldo	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.938	14.3378995	NEGATIVO
86	41	Afpata Carate, Elena	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.962	12.1461187	NEGATIVO
87	49	Flores Chauca, Sepriano	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	0.919	16.0730594	NEGATIVO
88	60	Quispe Afpata, Wilfredo	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.058	3.37899543	NEGATIVO
89	86	Salhua Challa, Rosaura	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.146	-4.65753425	NEGATIVO
90	89	Llamocca Salhua, Rivaldo	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.085	0.91324201	NEGATIVO
91	90	Vargas Sanja, Karina	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.064	2.83105023	NEGATIVO
92	91	Llamocca Salhua, María Esabel	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.047	4.38356164	NEGATIVO

Tabla 20

OVINO: Seropositivo a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad Anchayaque - San Tomas - Chumbivilcas - Cusco, 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	1	Epifania Gomez Capchi	Borrega	>18	Hembra	-	1.116	3.0829353	NEGATIVO
2	2	Epifania Gomez Capchi	Borrega	>18	Hembra	-	1.205	-4.64611376	NEGATIVO
3	6	Epifania Gomez Capchi	Borrega	>18	Hembra	-	1.22	-5.94876248	NEGATIVO
4	7	Epifania Gomez Capchi	Borrega	>18	Hembra	-	1.106	3.95136778	NEGATIVO
5	8	Epifania Gomez Capchi	Borrega	>18	Hembra	-	1.109	3.69083804	NEGATIVO
6	9	Pablo Huayhua Ch	Borrega	>18	Hembra	-	1.163	-0.99869735	NEGATIVO
7	10	Pablo Huayhua Ch	Borrega	>18	Hembra	-	1.232	-6.99088146	NEGATIVO
8	16	Percy Ccorpuna C	Borrega	>18	Hembra	-	1.142	0.82501086	NEGATIVO
9	17	Percy Ccorpuna C	Borrega	>18	Hembra	aborto	1.075	6.64350847	NEGATIVO
10	18	Percy Ccorpuna C	Borrega	>18	Hembra	aborto	1.092	5.16717325	NEGATIVO
11	28	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.048	8.98827616	NEGATIVO
12	29	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.084	5.86191924	NEGATIVO
13	33	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	Diarrea	1.084	5.86191924	NEGATIVO
14	34	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.097	4.73295701	NEGATIVO
15	35	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.02	11.4198871	NEGATIVO
16	36	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	0.982	14.7199305	NEGATIVO
17	37	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.079	6.29613548	NEGATIVO
18	38	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	1.135	1.43291359	NEGATIVO
19	39	Constantino Chipa H	Borrega	>18	Hembra	-	0.113	90.186713	POSITIVO
20	50	Teresa Huisa Ch	Borrega	>18	Hembra	-	1.019	11.5067304	NEGATIVO
21	51	Edilberto Challco A	Borrega	>18	Hembra	-	1.019	11.5067304	NEGATIVO
22	52	Edilberto Challco A	Borrega	>18	Hembra	-	0.917	20.3647416	NEGATIVO
23	59	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	1.046	9.16196266	NEGATIVO
24	60	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	0.937	18.6278767	NEGATIVO
25	61	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	1.089	5.427703	NEGATIVO
26	62	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	1.169	-1.51975684	NEGATIVO
27	63	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	0.931	19.1489362	NEGATIVO
28	64	Roman Huillca L	Borrega	>18	Hembra	-	1.055	8.38037343	NEGATIVO
29	70	Jolver Chipa Ch	Borrega	>18	Hembra	-	1.141	0.9118541	NEGATIVO
30	71	Jolver Chipa Ch	Borrega	>18	Hembra	-	1.056	8.29353018	NEGATIVO
31	72	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.075	6.64350847	NEGATIVO
32	76	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.095	4.90664351	NEGATIVO
33	77	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.156	-0.39079462	NEGATIVO
34	78	Angela Chahua chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.047	9.07511941	NEGATIVO
35	79	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.087	5.60138949	NEGATIVO
36	80	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.165	-1.17238385	NEGATIVO
37	81	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.061	7.85931394	NEGATIVO
38	86	Alfonso Villafuerte	Borrega	>18	Hembra	-	1.177	-2.21450282	NEGATIVO
39	87	Angela Chahua Chalco	Borrega	>18	Hembra	-	1.085	5.77507599	NEGATIVO
40	5	Epifania Gomez Capchi	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.076	6.55666522	NEGATIVO
41	11	Pablo Huayhua Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.108	3.77768129	NEGATIVO
42	15	Aparicio Morjuto C	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.088	5.51454624	NEGATIVO
43	19	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.027	10.8119844	NEGATIVO
44	20	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.039	9.76986539	NEGATIVO
45	23	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.12	2.73556231	NEGATIVO
46	24	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.05	8.81458967	NEGATIVO
47	25	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.144	0.65132436	NEGATIVO
48	30	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.111	3.51715154	NEGATIVO

49	31	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.107	3.86452453	NEGATIVO
50	40	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.035	10.1172384	NEGATIVO
51	41	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.022	11.2462006	NEGATIVO
52	42	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.024	11.0725141	NEGATIVO
53	44	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.864	24.9674338	NEGATIVO
54	47	Constantino Chipa H	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.031	10.4646114	NEGATIVO
55	48	Teresa Huisa Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.031	10.4646114	NEGATIVO
56	49	Teresa Huisa Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.966	16.1094225	NEGATIVO
57	53	Edilberto Challco A	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.123	2.47503257	NEGATIVO
58	56	Edilberto Challco A	Borreguilla	5 a 17	Hembra	Comprado feria	0.998	13.3304386	NEGATIVO
59	57	Roman Huillca L	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.031	10.4646114	NEGATIVO
60	58	Roman Huillca L	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.522	-32.1754234	NEGATIVO
61	67	Jolver Chipa Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.695	39.6439427	NEGATIVO
62	68	Jolver Chipa Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	0.927	19.4963092	NEGATIVO
63	69	Jolver Chipa Ch	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.104	4.12505428	NEGATIVO
64	74	Angela Chahua Challco	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.02	11.4198871	NEGATIVO
65	82	Angela Chahua Challco	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.127	2.12765957	NEGATIVO
66	84	Alfonso Villafuerte	Borreguilla	5 a 17	Hembra	-	1.047	9.07511941	NEGATIVO
67	3	Epifania Gomez Capchi	Carnero	>18	Macho	-	1.173	-1.86712983	NEGATIVO
68	12	Aparicio Morjuto C	Carnero	>18	Macho	-	1.091	5.2540165	NEGATIVO
69	13	Aparicio Morjuto C	Carnero	>18	Macho	diarrea	0.988	14.198871	NEGATIVO
70	22	Constantino Chipa H	Carnero	>18	Macho	-	1.094	4.99348676	NEGATIVO
71	27	Constantino Chipa H	Carnero	>18	Macho	-	1.086	5.68823274	NEGATIVO
72	43	Constantino Chipa H	Carnero	>18	Macho	-	1.106	3.95136778	NEGATIVO
73	46	Constantino Chipa H	Carnero	>18	Macho	-	1.073	6.81719496	NEGATIVO
74	55	Edilberto Challco A	Carnero	>18	Macho	-	1.091	5.2540165	NEGATIVO
75	65	Roman Huillca L	Carnero	>18	Macho	Comprado vecin	0.98	14.893617	NEGATIVO
76	75	Alfonso Villafuerte	Carnero	>18	Macho	-	1.099	4.55927052	NEGATIVO
77	83	Angela Chahua Challco	Carnero	>18	Macho	-	1.651	-43.3782023	NEGATIVO
78	88	Angela Chahua Challco	Carnero	>18	Macho	-	1.114	3.2566218	NEGATIVO
79	4	Epifania Gomez Capchi	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.189	-3.2566218	NEGATIVO
80	14	Aparicio Morjuto C	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.018	11.5935736	NEGATIVO
81	21	Constantino Chipa H	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.113	3.34346505	NEGATIVO
82	26	Constantino Chipa H	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.093	5.08033	NEGATIVO
83	32	Constantino Chipa H	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	3.49	-203.082935	NEGATIVO
84	45	Constantino Chipa H	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.182	-2.64871906	NEGATIVO
85	53	Edilberto Challco A	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.091	5.2540165	NEGATIVO
86	66	Jolver Chipa Ch	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.018	11.5935736	NEGATIVO
87	73	Angela Chahua Challco	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.091	5.2540165	NEGATIVO
88	85	Alfonso Villafuerte	Carnerillo	5 a 17	Macho	-	1.162	-0.9118541	NEGATIVO

Tabla 21

ALPACAS: Seropositivos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Vista Alegre - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. 450nm	Cociente	Diagnostico
1	2	Flores Chauca, Sepriano	Madre	>18	Hembra	-	1.262	-12.7288968	NEGATIVO
2	3	Anccasi Salhua, Marleny	Madre	>18	Hembra	-	0.838	25.14515409	NEGATIVO
3	5	Flores Chauca, Sepriano	Madre	>18	Hembra	-	1.172	-4.68959357	NEGATIVO
4	6	Qispe Ahuate, Julver	Madre	>18	Hembra	-	1.12	-0.0446628	NEGATIVO
5	8	Ahuate Qispe, Reyna	Madre	>18	Hembra	-	1.051	6.118803037	NEGATIVO
6	9	Qispe Flores, Maximiliano	Madre	>18	Hembra	-	0.883	21.12550246	NEGATIVO
7	10	Ahuate Qispe, Reyna	Madre	>18	Hembra	-	1.027	8.26261724	NEGATIVO
8	12	Qispe Afpata, Wilfredo	Madre	>18	Hembra	-	1.048	6.386779812	NEGATIVO
9	13	Qispe Afpata, Wilfredo	Madre	>18	Hembra	-	1.092	2.456453774	NEGATIVO
10	15	Qispe Afpata, Alfonso	Madre	>18	Hembra	-	1.016	9.245198749	NEGATIVO
11	18	Salhua Chavez, Aurelio	Madre	>18	Hembra	-	1.08	3.528360875	NEGATIVO
12	22	Challa De Salhua, Petrolina	Madre	>18	Hembra	-	0.971	13.26485038	NEGATIVO
13	23	Anccasi Panihuara, Orlando	Madre	>18	Hembra	aborto	0.872	22.10808397	NEGATIVO
14	26	Chavez Salhua, Grimaldina	Madre	>18	Hembra	-	0.178	84.10004466	POSITIVO
15	27	Anccasi Panihuara, Orlando	Madre	>18	Hembra	-	0.094	91.60339437	POSITIVO
16	30	Salhua Panihuara, Marcelo	Madre	>18	Hembra	-	0.128	88.56632425	POSITIVO
17	32	Salhua Challa, Alejo	Madre	>18	Hembra	-	0.967	13.62215275	NEGATIVO
18	33	Salhua Panihuara, Marcelo	Madre	>18	Hembra	-	2.077	-85.5292541	NEGATIVO
19	35	Motte Flores, Maximiliano	Madre	>18	Hembra	-	0.811	27.55694506	NEGATIVO
20	38	Achinquipa Chaco, Edwin	Madre	>18	Hembra	-	1.034	7.637338097	NEGATIVO
21	41	Achinquipa Chaco, Edwin	Madre	>18	Hembra	aborto	0.835	25.41313086	NEGATIVO
22	42	Achinquipa Chaco, Edwin	Madre	>18	Hembra	-	0.929	17.01652523	NEGATIVO
23	43	Achinquipa Chaco, Edwin	Madre	>18	Hembra	-	1.1	1.74184904	NEGATIVO
24	45	Salvador Anccasi Huamani	Madre	>18	Hembra	-	1.105	1.295221081	NEGATIVO
25	48	Pedro Huamani Casquina	Madre	>18	Hembra	-	0.87	22.28673515	NEGATIVO
26	49	Octaviano Casquina Games	Madre	>18	Hembra	-	0.874	21.92943278	NEGATIVO
27	51	Juvenal Casquina Gómez	Madre	>18	Hembra	-	0.902	19.42831621	NEGATIVO
28	4	Anccasi Salhua, Marleny	Tui hembra	>6	Hembra	Diarrea	1.354	-20.9468513	NEGATIVO
29	7	Qispe Flores, Maximiliano	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.88	21.39347923	NEGATIVO
30	14	Qispe Afpata, Giorgina	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.012	9.602501117	NEGATIVO
31	19	Salhua Chavez, Aurelio	Tui hembra	>24	Hembra	-	1.091	2.545779366	NEGATIVO
32	20	Challa De Salhua, Petrolina	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.02	8.887896382	NEGATIVO
33	24	Chavez Salhua, Grimaldina	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.852	23.8945958	NEGATIVO
34	28	Salhua Panihuara, Marcelo	Tui hembra	>24	Hembra	-	0.198	82.31353283	POSITIVO
35	37	Achinquipa Chaco, Edwin	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.11	0.848593122	NEGATIVO
36	46	Salvador Anccasi Huamani	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.896	19.96426976	NEGATIVO
37	1	Anccasi Salhua, Marleny	Padrillo	>24	Macho	-	1.063	5.046895936	NEGATIVO
38	11	Qispe Afpata, Giorgina	Padrillo	>24	Macho	-	1.104	1.384546673	NEGATIVO
39	16	Qispe Ahuate, Julver	Padrillo	>24	Macho	-	0.973	13.0861992	NEGATIVO
40	21	Challa De Salhua, Petrolina	Padrillo	>24	Macho	-	0.179	84.01071907	POSITIVO
41	25	Anccasi Panihuara, Orlando	Padrillo	>24	Macho	-	1.011	9.691826708	NEGATIVO
42	34	Motte Flores, Maximiliano	Padrillo	>24	Macho	-	0.949	15.2300134	NEGATIVO
43	36	Tintaya Salhua, Milagros	Padrillo	>24	Macho	-	1.063	5.046895936	NEGATIVO
44	40	Achinquipa Chaco, Edwin	Padrillo	>24	Hembra	-	0.894	20.14292095	NEGATIVO
45	47	Eloy Anccasi Gonzales	Padrillo	>24	Macho	-	0.937	16.3019205	NEGATIVO
46	17	Salhua Chavez, Aurelio	Tui macho	>6	Macho	-	0.897	19.87494417	NEGATIVO
47	29	Salhua Challa, Alejo	Tui macho	>6	Macho	-	1.068	4.600267977	NEGATIVO
48	31	Salhua Challa, Alejo	Tui macho	>6	Macho	-	0.907	18.98168825	NEGATIVO
49	39	Achinquipa Chaco, Edwin	Tui macho	>6	Macho	-	0.981	12.37159446	NEGATIVO
50	44	Pablo Huamani Casquina	Tui macho	>6	Macho	-	1.088	2.813756141	NEGATIVO
51	50	Saturina Llanllaya Choqqe	Tui macho	>6	Macho	-	0.967	13.62215275	NEGATIVO

Tabla 22

ALPACAS: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Allhuacchuyo - Santo Tomas - Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	2	Flores Chauca, Sepriano	Madre	>18	Hembra	-	1.262	-12.7288968	NEGATIVO
2	3	Flores Chacnama, Amilcar Pare	Madre	>18	Hembra	-	0.838	25.14515409	NEGATIVO
3	4	Flores Chacnama, Adelaida	Madre	>18	Hembra	Aborto	1.354	-20.9468513	NEGATIVO
4	8	Tintaya Chacnama, Yaquelin	Madre	>18	Hembra	-	0.91	18.71371148	NEGATIVO
5	9	Tintaya Chacnama, Uriel	Madre	>18	Hembra	-	0.791	29.3434569	NEGATIVO
6	10	Tintaya Alcahuaman, Alipio	Madre	>18	Hembra	-	0.874	21.92943278	NEGATIVO
7	14	Vargas Sanja, Karina	Madre	>18	Hembra	-	0.888	20.6788745	NEGATIVO
8	15	Llamocca Salhua, Maria Isabel	Madre	>18	Hembra	-	0.908	18.892326266	NEGATIVO
9	16	Chaco Ninaquispe, Margarita	Madre	>18	Hembra	-	0.85	24.07324699	NEGATIVO
10	17	Chavez Salhua, Edulfunsio	Madre	>18	Hembra	-	0.904	19.24966503	NEGATIVO
11	18	Chavez Chaco, Sayda	Madre	>18	Hembra	-	0.864	22.8226887	NEGATIVO
12	19	Chavez Chaco, Jhon Alex	Madre	>18	Hembra	-	0.859	23.26931666	NEGATIVO
13	23	Chavez Salhua, Efrain	Madre	>18	Hembra	aborto	0.918	17.99910674	NEGATIVO
14	28	Chavez Quispe, Miguel Angel	Madre	>18	Hembra	-	0.771	31.12996874	NEGATIVO
15	29	Chavez Quispe, Shirley	Madre	>18	Hembra	-	1.133	-1.20589549	NEGATIVO
16	30	Janampa Quispe, Martina	Madre	>18	Hembra	-	0.961	14.1581063	NEGATIVO
17	31	Quispe Flores, Ruben	Madre	>18	Hembra	-	0.159	85.79723091	POSITIVO
18	33	Quispe Flores, Ruben	Madre	>18	Hembra	-	0.901	19.5176418	NEGATIVO
19	37	Huayhua Apfata, Natalia	Madre	>18	Hembra	-	1.163	-3.88566324	NEGATIVO
20	41	Apfata Carate, Elena	Madre	>18	Hembra	-	1.073	4.153640018	NEGATIVO
21	44	Tintaya Huamani, Ricardo	madre	>18	Hembra	-	1.159	-3.52836088	NEGATIVO
22	45	Llamocca Ccallo, Fernando	Madre	>18	Hembra	-	0.192	82.84948638	POSITIVO
23	46	Llamocca Ccallo, Fernando	Madre	>18	Hembra	-	1.092	2.456453774	NEGATIVO
24	48	Tintaya Huayhua, Modista	madre	>18	Hembra	-	1.147	-2.45645377	NEGATIVO
25	1	Anccasi Salhua, Marleny	Tui hembra		Hembra	Diarrea	1.063	5.046895936	NEGATIVO
26	6	Challa Alcahuaman, Braulio	Tui Hembra	>24	Hembra	-	0.977	12.72889683	NEGATIVO
27	7	Chacnama Anccasi, Martina	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.933	16.65922287	NEGATIVO
28	13	Llamocca Salhua, Rivaldo	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.036	7.458686914	NEGATIVO
29	22	Chavez Salhua, Efrain	Tui Hembra	>6	Hembra	-	0.683	38.99062081	NEGATIVO
30	25	Chavez Panihuara, Percy	Tui Hembra	>6	Hembra	-	0.79	29.43278249	NEGATIVO
31	27	Quispe Janampa, Marleny	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.794	29.07548013	NEGATIVO
32	32	Quispe Janampa, Vernaldo	Tui Hembra	>6	Hembra	-	0.913	18.4457347	NEGATIVO
33	39	Huayhua Apfata, Natalia	Tui Hembra	>24	Hembra	-	1.008	9.959803484	NEGATIVO
34	43	Apfata Carate, Elena	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.076	3.885663243	NEGATIVO
35	5	Challa Folres, Yerisa Lisbeth	Padrillo	>24	Macho	-	1.102	1.563197856	NEGATIVO
36	11	Llamocca Ccallo, Edwardo	padrillo	>24	Macho	-	0.993	11.29968736	NEGATIVO
37	21	Chavez Salhua, Efrain	Padrillo	>24	Macho	-	1.035	7.548012506	NEGATIVO
38	24	Salhua Vargas, Vartola	padrillo	>24	Macho	-	0.633	43.4569004	NEGATIVO
39	26	Panihuara Huayhua, Cristina	Padrillo	>24	Macho	Comprado	0.999	10.76373381	NEGATIVO
40	35	Quispe Janampa, Vernaldo	padrillo	>24	Macho	-	0.902	19.42831621	NEGATIVO
41	38	Quispe Anccasi, Bernardino	Padrillo	>24	Macho	-	1.048	6.386779812	NEGATIVO
42	42	Quispe Anccasi, Adrian	Padrillo	>24	Macho	-	1.064	4.957570344	NEGATIVO
43	49	Tintaya Huayhua, Modista	padrillo	>24	Macho	-	1.063	5.046895936	NEGATIVO
44	12	Salhua Challa, Rosario	Tui macho	>24	Macho	-	1.227	-9.60250112	NEGATIVO
45	20	Salhua Vargas, Vartola	Tui macho	>6	Macho	-	1.07	4.421616793	NEGATIVO
46	34	Janampa Quispe, Martina	Tui macho	>6	Macho	-	0.977	12.72889683	NEGATIVO
47	36	Quispe Anccasi, Bernardino	Tui macho	>6	Macho	-	1.017	9.155873158	NEGATIVO
48	40	Quispe Huayhua, Alex	Tui macho	>6	Macho	-	0.974	12.9968736	NEGATIVO
49	47	Tintaya Huayhua, Modista	Tui macho	>6	Macho	-	1.092	2.456453774	NEGATIVO

Tabla 23

ALPACAS: Seropositivos a Anticuerpos contra el virus de la DVB a la prueba de ELISA, comunidad de Anchayaque - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 1er Objetivo

N°	N° de muestra	Nombre del Productor	Categoría/ ovino	Edad (meses)	Sexo	Observación/	DO. A 450nm	Cociente	Diagnostico
1	1	Samuel Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	0.196	80.4097951	POSITIVO
2	2	Samuel Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	1.009	-0.84957521	NEGATIVO
3	4	Benito Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	1.059	-5.84707646	NEGATIVO
4	6	Benito Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	1.123	-12.2438781	NEGATIVO
5	7	Benito Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	1.03	-2.94852574	NEGATIVO
6	8	Benito Uracchagua Salhua	Madre	>18	Hembra	-	1.191	-19.0404798	NEGATIVO
7	12	Sinforosa Chauca Jauja	Madre	>18	Hembra	-	1.023	-2.24887556	NEGATIVO
8	14	Bernardino Uracchagua	Madre	>18	Hembra	-	1.001	-0.04997501	NEGATIVO
9	15	Bernardino Uracchagua	Madre	>18	Hembra	-	1.05	-4.94752624	NEGATIVO
10	16	Bernardino Uracchagua	Madre	>18	Hembra	-	1.041	-4.04797601	NEGATIVO
11	20	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.93	7.046476762	NEGATIVO
12	21	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.942	5.847076462	NEGATIVO
13	24	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	1.007	-0.64967516	NEGATIVO
14	25	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	1.036	-3.54822589	NEGATIVO
15	26	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.952	4.847576212	NEGATIVO
16	30	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.923	7.746126937	NEGATIVO
17	34	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.895	10.54472764	NEGATIVO
18	36	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.887	11.34432784	NEGATIVO
19	38	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	1.031	-3.04847576	NEGATIVO
20	41	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.917	8.345827086	NEGATIVO
21	43	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	aborto	0.903	9.745127436	NEGATIVO
22	45	Constantino Chipa H	Madre	>18	Hembra	-	0.138	86.20689655	POSITIVO
23	5	Benito Uracchagua Salhua	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.105	-10.4447776	NEGATIVO
24	10	Bernardino Uracchagua	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.977	2.348825587	NEGATIVO
25	22	Constantino Chipa H	Tui hembra	>24	Hembra	-	0.999	0.149925037	NEGATIVO
26	23	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.037	-3.64817591	NEGATIVO
27	27	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	Diarrea	0.911	8.945527236	NEGATIVO
28	31	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.79	21.03948026	NEGATIVO
29	33	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.94	6.046976512	NEGATIVO
30	37	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.951	4.947526237	NEGATIVO
31	40	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	1.003	-0.24987506	NEGATIVO
32	42	Constantino Chipa H	Tui hembra	>6	Hembra	-	0.94	6.046976512	NEGATIVO
33	3	Benito Uracchagua Salhua	Padrillo	>24	Macho	-	0.992	0.849575212	NEGATIVO
34	9	Bernardino Uracchagua	Padrillo	>24	Macho	-	1.1	-9.94502749	NEGATIVO
35	11	Sinforosa Chauca Jauja	Padrillo	>24	Macho	-	1.286	-28.5357321	NEGATIVO
36	17	Percy Ccorpuna C	Padrillo	>24	Macho	Comprado	0.905	9.545227386	NEGATIVO
37	19	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	0.199	80.10994503	POSITIVO
38	28	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	0.822	17.84107946	NEGATIVO
39	32	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	0.976	2.448775612	NEGATIVO
40	39	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	0.667	33.33333333	NEGATIVO
41	44	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	0.951	4.947526237	NEGATIVO
42	47	Constantino Chipa H	Padrillo	>24	Macho	-	1	0.049975012	NEGATIVO
43	13	Bernardino Uracchagua	Tui macho	>6	Macho	-	1.032	-3.14842579	NEGATIVO
44	18	Percy Ccorpuna C	Tui macho	>6	Macho	-	1.104	-10.3448276	NEGATIVO
45	29	Constantino Chipa H	Tui macho	>6	Macho	-	0.925	7.546226887	NEGATIVO
46	35	Constantino Chipa H	Tui macho	>6	Macho	-	0.941	5.947026487	NEGATIVO
47	46	Constantino Chipa H	Tui macho	>6	Macho	-	1.007	-0.64967516	NEGATIVO
48	48	Teresa Huisa Ch	Tui macho	>6	Macho	-	1.003	-0.24987506	NEGATIVO

Tabla 24

VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígenos (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad de VISTA ALEGRE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo

Nro	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observaciones	DO. 450nm	Corregido	M/P	Diagnostico
1	Camilo Huamani Sacsí	Vaca	>25	Hembra		0.262	0.06	6.948465547	NEGATIVO
2	Aniceto Aroni Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra		0.27	0.068	7.87492762	NEGATIVO
3	Santusa Quispe Condori	Vaca	>25	Hembra		0.231	0.029	3.358425014	NEGATIVO
4	Cecilio Huamani Casquina	Ternero	>6	Macho		0.175	-0.027	-3.1268095	NEGATIVO
5	Cecilia Checya Apaza	Vaquillona	12 a 24	Hembra		0.218	0.016	1.852924146	NEGATIVO
6	Pablo Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra		0.172	-0.03	-3.47423277	NEGATIVO
7	Saturnina Llanllaya Choqqe	Vaca	>25	Hembra		0.187	-0.015	-1.73711639	NEGATIVO
8	Apolinaria Aroni Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra		0.202	0.052	6.022003474	NEGATIVO
9	Celestino Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra		0.21	0.008	0.926462073	NEGATIVO
10	Andrés Anccasi Huamani	Ternera	>6	Hembra		0.259	0.057	6.60104227	NEGATIVO
11	Fortunata Vilcas Casquina	Vaca	>25	Hembra		0.176	-0.026	-3.01100174	NEGATIVO
12	Fortunata Vilcas Casquina	Vaca	>25	Hembra		0.172	-0.03	-3.47423277	NEGATIVO
13	Lucía Anccasi Vilcas	Vaca	>25	Hembra		1.501	1.299	150.4342791	POSITIVO
14	Simona Anccasi Anccasi	Vaquillona	12 a 24	Hembra		0.178	-0.024	-2.77938622	NEGATIVO
15	Cirilo Casquina Medina	Vaquillona	12 a 24	Hembra		0.169	-0.033	-3.82165605	NEGATIVO
16	Salvador Casquina Yallercco	Vaca	>25	Hembra		0.206	0.004	0.463231036	NEGATIVO
17	Roger Casquina Anccasi	Vaca	>25	Hembra		0.4	0.198	22.92993631	POSITIVO
18	Julio Anccasi Casquina	Torete	12 a 24	Macho		0.387	0.185	21.42443544	POSITIVO
19	Wilfredo Cayo Anccasi Huamani	Vaca	>25	Hembra		0.382	0.18	20.84539664	POSITIVO
20	Yeni Casquina Ccorimanya	Ternera	>6	Hembra		0.381	0.179	20.72958888	POSITIVO

Tabla 25

VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad de VISTA ALEGRE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo

Nro	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observaciones	DO 450nm	Corregido	M/P	Diagnostico
1	Julio Anccasi Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	0.262	0.06	6.948465547	NEGATIVO
2	Fortunata Vilcas Casquina	Torete	12 a 24	Macho	-	0.27	0.068	7.87492762	NEGATIVO
3	Lucía Anccasi Vilcas	Vaca	>25	Hembra	-	1.551	1.299	180.4342791	POSITIVO
4	Pablo Huamani Casquina	Vaca	>25	Hembra	-	0.301	0.099	11.46496815	NEGATIVO
5	Yeni Casquina Ccorimanya	Ternera	>6	Hembra	-	0.387	0.185	21.42443544	POSITIVO

Tabla 26

VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígeno (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad de ALLHUACCHUYO - Santo Tomas - Chumbivilcas - Cusco. 2do Objetivo

N°	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observaciones	DO	Corregido	M/P	Diagnostico
1	Urbina Ancalla, Bacilia	Vaca	>25	Hembra	-	0.487	0.1145	21.10599078	POSITIVO
2	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaca	>25	Hembra	-	0.558	0.1855	34.19354839	POSITIVO
3	Chavez Salhua, Edulfunsio	Vaca	>25	Hembra	-	0.407	0.0345	6.359447005	NEGATIVO
4	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.332	-0.0405	-7.46543779	NEGATIVO
5	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	0.47	0.0975	17.97235023	NEGATIVO
6	Salhua Challa, Rosaura	Toro	>25	Macho	-	0.389	0.0165	3.041474654	NEGATIVO
7	Challa Urbina, Sandra	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.526	0.1535	28.29493088	POSITIVO
8	Ancasi Chavez, Edgar	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.609	0.2365	43.59447005	POSITIVO
9	Quispe Ancasi, Bernardino	Vaca	>25	Hembra	-	0.324	-0.0485	-8.94009217	NEGATIVO
10	Huayhua Apfata, Natalia	Vaca	>25	Hembra	-	0.606	0.2335	43.04147465	POSITIVO
11	Quispe Janampa, Marleny	Torete	12 a 24	Macho	-	0.406	-0.0235	-3.40086831	NEGATIVO
12	Salhua Vargas, Vartola	Ternero	>6	Macho	-	0.537	0.1075	15.55716353	NEGATIVO
13	Salhua Challa, Rosario	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.213	-0.2165	-31.3314038	NEGATIVO
14	Huayhua Apfata, Natalia	Toro	>25	Macho	-	0.365	-0.0645	-9.33429812	NEGATIVO
15	Llamocca Salhua, Rivaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.844	0.4145	59.98552822	POSITIVO
16	Vargas Sanja, Karina	Vaca	>25	Hembra	-	0.813	0.3835	55.49927641	POSITIVO
17	Quispe Janampa, Vernaldo	vaca	>25	Hembra	-	0.357	-0.0725	-10.4920405	NEGATIVO
18	Salhua Challa, Rosaura	Ternera	>6	Hembra	-	0.509	0.0795	11.50506512	NEGATIVO
19	Janampa Quispe, Martina	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.159	-0.2705	-39.146165	NEGATIVO
20	Ancasi Salhua, Marleny	Toro	>25	Macho	-	0.42	-0.0095	-1.3748191	NEGATIVO
21	Quispe Janampa, Vernaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.321	-0.1085	-15.7018813	NEGATIVO
22	Panihuara Huamani, Abelardo	Torete	12 a 24	Hembra	-	2.637	2.2075	319.4645441	POSITIVO
23	Chaco Ninaquispe, Margarita	Vaca	>25	Hembra	-	0.636	0.2065	29.88422576	POSITIVO
24	Urbina Ancalla, Bacilia	Toro	>25	Hembra	-	0.955	0.5255	76.04920405	POSITIVO
25	Quispe Flores, Ruben	Ternero	>6	Macho	-	0.365	-0.0645	-9.33429812	NEGATIVO
26	Llamocca Salhua, Rivaldo	Toro	>25	Macho	-	0.505	0.0755	10.92619392	NEGATIVO
27	Chavez quispe, Miguel Angel	Ternera	>6	Hembra	-	0.255	-0.1745	-25.2532562	NEGATIVO
28	Urbina Ancalla, Bacilia	Vaca	>25	Hembra	-	0.483	0.0535	7.742402315	NEGATIVO
29	Chaco Ninaquispe, Margarita	Ternero	>6	Macho	-	0.128	-0.3015	-43.6324168	NEGATIVO
30	Quispe Janampa, Marleny	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.301	-0.1285	-18.5962373	NEGATIVO
31	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaca	>25	Hembra	-	0.401	-0.0285	-4.12445731	NEGATIVO
32	Chaco Ninaquispe, Margarita	Torete	12 a 24	Macho	-	0.356	-0.0735	-10.6367583	NEGATIVO
33	Ancasi Salhua, Marleny	Ternera	>6	Hembra	-	0.399	-0.0305	-4.41389291	NEGATIVO
34	Salhua Vargas, Vartola	Torete	12 a 24	Macho	-	0.548	0.1185	17.14905933	NEGATIVO
35	Vargas Sanja, Karina	Ternera	>6	Hembra	-	0.501	0.0715	10.34732272	NEGATIVO
36	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.422	-0.0075	-1.0853835	NEGATIVO
37	Salhua Vargas, Vartola	Vaca	>25	Hembra	-	0.406	-0.0235	-3.40086831	NEGATIVO
38	Challa Urbina, Sandra	Ternera	>6	Hembra	-	0.511	0.0815	11.79450072	NEGATIVO
39	Quispe Janampa, Marleny	Toro	>25	Macho	-	0.312	-0.1175	-17.0043415	NEGATIVO
40	Quispe Ancasi, Bernardino	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.722	0.2925	42.32995658	POSITIVO
41	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	0.584	0.1545	22.35890014	POSITIVO
42	Huayhua Apfata, Natalia	Vaca	>25	Hembra	-	0.42	-0.0095	-1.3748191	NEGATIVO

Tabla 27

VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad de ALLHUACCHUYO – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo

N°	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observaciones	DO	Corregido	M/P	Diagnostico
1	Panihuara Huamani, Abelardo	Vaca	12 a 24	Hembra	-	0.255	-0.1745	-25.2532562	NEGATIVO
2	Huayhua Apfata, Natalia	Vaca	>25	Hembra	-	0.483	0.0535	7.742402315	NEGATIVO
3	Challa Urbina, Sandra	Vaquillona	>25	Hembra	-	0.128	-0.3015	-43.6324168	NEGATIVO
4	Ancasi Chavez, Edgar	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.301	-0.1285	-18.5962373	NEGATIVO
5	Llamocca Salhua, Rivaldo	Vaca	>25	Hembra	-	0.401	-0.0285	-4.12445731	NEGATIVO
6	Vargas Sanja, Karina	Vaca	>25	Hembra	-	0.356	-0.0735	-10.6367583	NEGATIVO
6	Chaco Ninaquispe, Margarita	Vaca	>25	Hembra	-	0.399	-0.0305	-4.41389291	NEGATIVO
8	Panihuara Huamani, Abelardo	Torete	12 a 24	Macho	-	0.548	0.1185	17.14905933	NEGATIVO
9	Janampa Quispe, Martina	Vaca	>25	Hembra	-	0.501	0.0715	10.34732272	NEGATIVO
10	Urbina Ancalla, Bacilia	Toro	12 a 24	Macho	-	0.422	-0.0075	-1.0853835	NEGATIVO
11	Quispe Ancasi, Bernardino	Vaquillona	>25	Hembra	-	0.406	-0.0235	-3.40086831	NEGATIVO
12	Urbina Ancalla, Bacilia	Vaca	>25	Hembra	-	2.697	2.2075	319.4645441	POSITIVO

Tabla 28

VACUNOS: Primer Análisis para atrapar antígenos (PI) del virus de la DVB prueba de ELISA, comunidad ANCHAYAQUE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo

Nro	Nombre del Productor	Categoría	Edad (meses)	Sexo	Observaciones	DO 450nm	Corregido	M/P	Diagnostico
1	Angela Chahua Challco	Vaca	>25	Hembra	-	0.171	0.065	18.56677524	NEGATIVO
2	Epifania Gomez Capchi	Vaca	>25	Hembra	-	0.18	0.074	19.54397394	NEGATIVO
3	Aparicio Morjuto C	Vaca	>25	Hembra	-	0.179	0.073	19.43539631	NEGATIVO
4	Aparicio Morjuto C	Vaca	>25	Hembra	-	0.177	0.071	19.21824104	NEGATIVO
5	Constantino Chipa H	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.476	0.37	51.68295331	POSITIVO
6	Constantino Chipa H	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.439	0.333	47.66558089	POSITIVO
7	Samuel Uracchahua Salhua	Toro	>25	Macho	-	0.179	0.073	19.43539631	NEGATIVO
8	Benito Uracchahua Salhua	Torete	12 a 24	Macho	-	0.974	0.868	105.7546145	POSITIVO
9	Constantino Chipa H	Vaca	>25	Hembra	-	0.174	0.068	18.89250814	NEGATIVO
10	Constantino Chipa H	Vaca	>25	Hembra	-	0.179	0.073	19.43539631	NEGATIVO
11	Teresa Huisa Ch	Vaca	>25	Hembra	-	0.158	0.052	17.15526602	NEGATIVO
12	Teresa Huisa Ch	Vaca	>25	Hembra	-	0.174	0.068	18.89250814	NEGATIVO
13	Edilberto Challco A	Vaca	>25	Hembra	-	0.178	0.072	19.32681868	NEGATIVO
14	Edilberto Challco A	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.179	0.073	19.43539631	NEGATIVO
15	Jolver Chipa Ch	Ternero	6 a 12	Macho	-	0.176	0.07	19.10966341	NEGATIVO
16	Jolver Chipa Ch	Ternera	>6	Hembra	-	0.178	0.072	19.32681868	NEGATIVO
17	Angela Chahua Challco	Ternera	>6	Hembra	-	0.179	0.073	19.43539631	NEGATIVO
18	Angela Chahua Challco	Ternera	>6	Hembra	-	0.168	0.062	18.24104235	NEGATIVO
19	Angela Chahua Challco	Torete	>25	Macho	-	0.158	0.052	17.15526602	NEGATIVO
20	Angela Chahua Challco	Torete	13 a 24	Macho	-	0.625	0.519	67.86102063	POSITIVO
21	Alfonso Villafuerte	Vaca	>25	Hembra	-	1.109	1.003	120.412595	POSITIVO

Tabla 29

VACUNOS: Reprueba de los vacunos que resultaron positivos a PI al virus de la DVB a la prueba de ELISA por captura de antígenos, comunidad ANCHAYAQUE – Santo Tomas Chumbivilcas-Cusco. 2do objetivo

Nro	Nombre del Productor	Categoría	Meses	Sexo	Observaciones	DO			Diagnostico
						450nm	Corregido	M/P	
1	Constantino Chipa H	Vaquillona	12 a 24	Hembra	-	0.171	0.065	7.057546145	NEGATIVO
2	Constantino Chipa H	Vaquillona	12 A 24	Hembra	-	0.18	0.074	8.034744843	NEGATIVO
3	Benito Uracchua Salhua	Torete	12 a 24	Macho	-	0.161	0.055	5.971769815	NEGATIVO
4	Angela Chahua Chalco	Torete	13 a 24	Macho	-	0.179	0.073	7.92616721	NEGATIVO
5	Alfonso Villafuerte	Vaca	>25	Hembra	-	1.109	1.003	108.9033659	POSITIVO

Anexo 2. Panel fotográfico



Figura 7. Equipos de serología y Kit para detectar anticuerpos y antígenos de vDVB ELISA, Laboratorio de Sanidad Animal



Figuras 8. Procesamiento del protocolo. y lectura de resultados serológicos, DO 450nm



Figuras 9. Equipos moleculares y Kit de extracción de ácido nucleico y detección del genotipo VDV B 1 y VDV B 2, Laboratorio de Sanidad Animal



Figuras 10. Lectura de la amplificación del genotipo VDVB 1 y VDVB 2, Laboratorio de Sanidad Animal