

Infecciones naturales concurrentes asociadas a la laringotraqueítis infecciosa en gallinas de puesta

Los resultados confirman la importancia y viabilidad de la caracterización molecular de los genes de *Mycoplasmagallisepticum* para diferenciar entre las cepas vacunales y las de campo involucradas en casos de enfermedad respiratoria en aves.

RM Couto, JF Vilarinho Braga, SYM Gomes, M Resende, NRS Martins, y R Ecco, 2016. The Journal of Applied Poultry Research 25:113–12 <http://dx.doi.org/10.3382/japr/pfv075>

En este estudio se evaluaron gallinas ponedoras con enfermedad respiratoria grave pertenecientes a granjas de aves infectadas por *Gallidherpesvirus*(GaHV-1). Se recogieron muestras de los senos y cornetes nasales y de la tráquea de 31 aves. A partir de estas muestras se realizaron análisis histopatológicos, que evidenciaron que un 22,6% de las aves presentaban lesiones compatibles conco-infección, probablemente debidas a GaHV-1 o *Mycoplasmaspp*. Los análisis de PCR evidenciaron la presencia de al menos dos patógenos respiratorios en el 61,2% de las aves. Se llevó a cabo una secuenciación parcial para la identificación del espaciador intergénico(IGSR) y el gen *cytadhesin 2 (mgc2)* del genoma de *Mycoplasmagallisepticum*. El análisis del IGSR reveló la implicación de dos cepas de campo y de una cepa vacunal. Sin embargo, el análisis del gen *mgc2* de las mismas muestras reveló cinco cepas distintas de *M. gallisepticum*, cuatro de las cuales fueron cepas de campo y una vacunal. Estos resultados demuestran que la combinación de análisis moleculares e histopatológicos es un método fiable y decisivo para el diagnóstico de enfermedades respiratorias en aves, debido a que algunos agentes etiológicos pueden permanecer en estado latente o algunas aves pueden ser portadores. Estos resultados además confirman la importancia y fiabilidad de la caracterización molecular de los genes de *M. gallisepticum* para diferenciar entre las cepas vacunales y las de campo, involucradas en casos de enfermedad respiratoria en aves.

---

Natural concurrent infections associated with infectious laryngotracheitis in layer chickens

The results further confirm the importance and feasibility of the molecular characterization of *Mycoplasma gallisepticum* genes to differentiate between vaccine and field strains involved in cases of respiratory disease in chickens.

RM Couto, JFVilarinho Braga, SYM Gomes, MResende, NRS Martins, and REcco, 2016. The Journal of Applied Poultry Research 25:113–12 <http://dx.doi.org/10.3382/japr/pfv075>

Layer chickens with severe respiratory disease belonging to farms with chickens infected by *Gallid herpesvirus* (GaHV-1) were evaluated. Samples of nasal turbinates/sinuses and trachea from 31 chickens were subjected to histopathological analysis, which showed that 22.6% of chickens had lesions suggestive of co-infection, most frequently by GaHV-1 or *Mycoplasmaspp*. PCR analysis showed the presence of at least two respiratory pathogens in 61.2% of chickens. Partial sequencing was performed for identification of the intergenic spacer region (IGSR) and cytoadhesin 2 (mgc2) gene of the *Mycoplasma gallisepticum* genome. Analysis of IGSR revealed the involvement of two field and one vaccine strains. However, analysis of mgc2 from the same samples revealed five different strains of *M. gallisepticum*, four of which were field strains and one of which was a vaccine strain. These results demonstrate that combined molecular and histopathological analysis is a reliable and conclusive method for diagnosis of respiratory diseases in chickens since some etiologic agents can remain latent or maintain chickens as carriers. The results further confirm the importance and feasibility of the molecular characterization of *M. gallisepticum* genes to differentiate between vaccine and field strains involved in cases of respiratory disease in chickens.

---