BRONQUITIS INFECCIOSA AVIAR

GENOTIPOS IDENTIFICADOS EN ESPAÑA DEL 2012 AL 2016

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

El virus de la **Bronquitis Infecciosa Aviar** es causante de **grandes pérdidas económicas** en la industria avícola mundial. Es producida por un coronavirus que afecta a la especie *Gallus gallus*. Es bien conocida la facilidad de variación antigénica por eventos de mutación o recombinación que tiene, esto permite al virus adaptarse a cambios en la presión de selección, pudiendo producirse una falta de protección de los planes vacunales aplicados, por esto se hace necesario el poder identificar genotípicamente las cepas presentes de forma rápida y además pudiendo detectar más de una cepa en una misma muestra, en caso de haber más de genotipo de virus presente.

El objetivo de este estudio es mostrar las identificaciones realizadas en muestras de granjas en España durante los años 2012 al 2016 por medio de técnicas de biología molecular. **Zoetis** como parte de su programa de soporte a clientes, ofrece desde hace varios años el **análisis de muestras para identificación de diferentes cepas del virus de Bronquitis Infecciosa (BI)**. El servicio se realiza con muestras tomadas con hisopos a nivel traqueal/cloacal que son analizadas mediante la técnica qPCR.

MATERIALES Y MÉTODOS

Este estudio está basado en **366 muestras tomadas en España durante los años 2012 al 2016 de pollos de engorde, pollitas futuras ponedoras y reproductoras, ponedoras comerciales y reproductoras pesadas**. Las muestras han sido tomadas por medio de hisopos secos (sin ningún medio de cultivo) a nivel de tráquea y/o cloaca (en algún caso incluso de riñón), tanto de casos clínicos sospechosos de bronquitis como de monitorización de rutina.

Para el muestreo se toman 10 hisopos traqueales y/o cloacales de 10 aves por nave o por granja, los cuales son procesados de forma conjunta (pool). Se realiza la extracción del posible ARN viral presente en la muestra y se hace una primera RT-PCR con una combinación específica de cebador y sonda para la proteína N del virus de Bronquitis Infecciosa (BI). Si esta primera RT-PCR es positiva, una segunda PCR (qPCR) es realizada con iniciadores/cebadores que tienen blancos en áreas específicas del gen que codifica la proteína S1, permitiendo detectar distintas variantes genotípicas dominantes (qPCR Multiplex). **A diferencia de la mayoría de métodos de secuenciación, esta técnica permite detectar las diferentes cepas presentes en la muestra y no solo la cepa predominante**.

Los genotipos de BI testados habitualmente son: Massachusetts, D274, 793B, D1466, Italy02, Arkansas, QX, IS/1494/06 y Q1. Las muestras que han salido positivas a la primera RT-PCR pero negativas a la segunda qPCR, si se dispone de material genético suficiente (calidad y/o cantidad), son enviadas a un laboratorio externo para su secuenciación.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las 366 muestras procesadas durante ese período tuvieron un porcentaje de **muestras positivas al virus de BI que varió del 78,4% al 94,4%** en los distintos años del estudio **(tabla 1)**.

Según las identificaciones realizadas podemos concluir: se observa disminución de Italy02 aunque sigue presente. Detección de cepas vacunales de tipo Massachusetts, 793B y D274. No se han detectado las cepas Arkansas y Q1. Ha habido identificaciones puntuales de la cepa D1466. Por secuenciación se han identificado algunas cepas Xindadi. Los aislamientos del grupo 793B en general se consideran de origen vacunal, en algunos casos donde era identificado en aves que teoricamente no habían recibido la vacuna se realizó secuenciación y se estableció su origen vacunal con homologías superiores al 99%. El genotipo QX que habia disminuído en los años 2013 y 2014 ha tenido un repunte importante los años 2015 y 2016 **(tabla 2)**.

Tabla 1 % MUESTRAS POSITIVAS POR AÑO

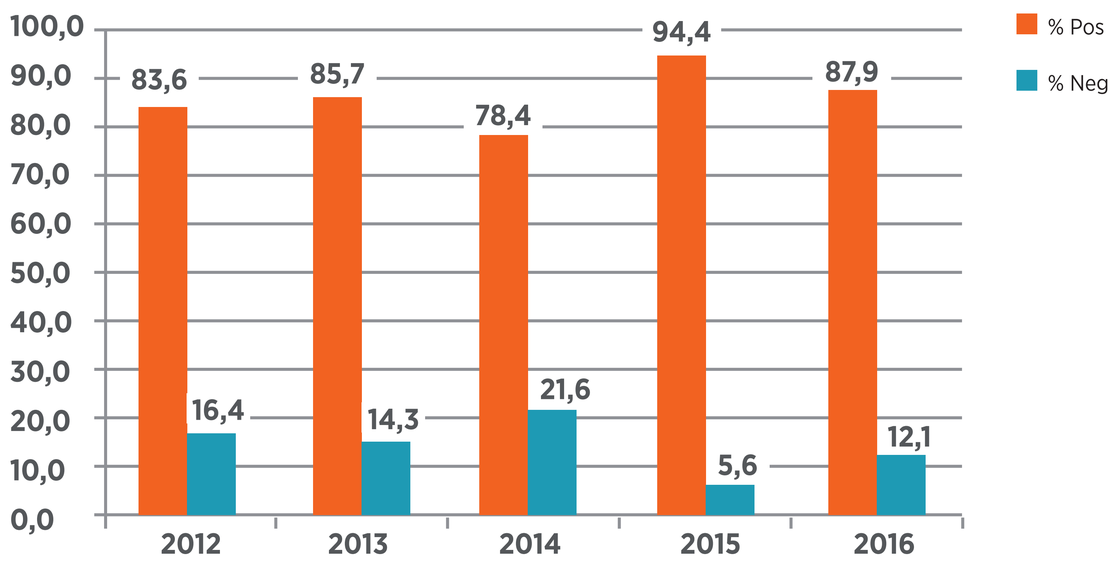


Tabla 2 Nº DE INDENTIFICACIONES POR TIPO/AÑO

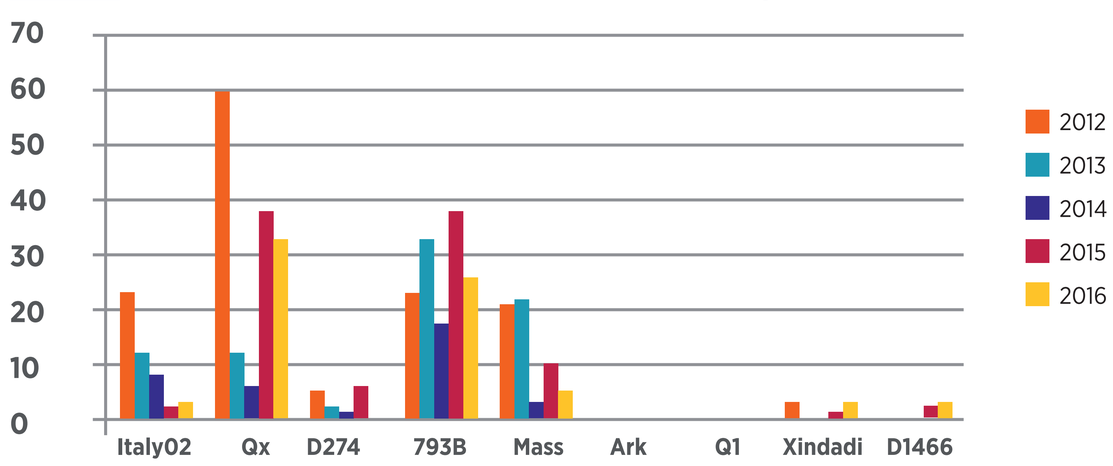
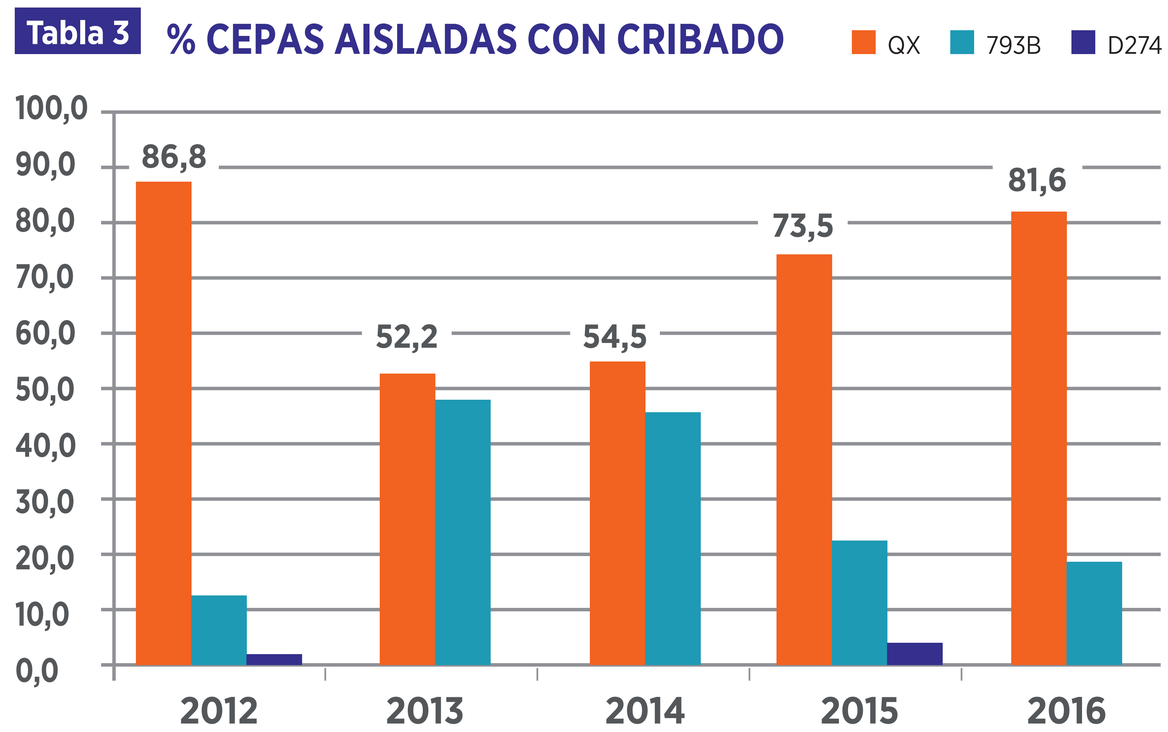


Tabla 3 % CEPAS AISLADAS CON CRIBADO



Para poder mostrar de la manera más clara posible los hallazgos de cepas de campo, se han cribado los datos excluyendo las muestras que recibieron vacunaciones homólogas a las cepas encontradas (QX, 793B, D274 y Mass) o aquellas muestras donde el plan vacunal no fue suministrado, adicionalmente se han eliminado los resultados de cepas vacunales sin presencia de cepas de campo homólogas (Arkansas) o cepas de campo sin disponibilidad de vacunas homólogas (Italy02, D1466 y Xindadi). Esto nos permite ver que la **cepa QX de campo sigue siendo el mayor desafío,** habiéndose producido un incremento durante los años 2015 y 2016, luego de su disminución en los años 2013 y 2014 **(tabla 3)**.

Los resultados mostrados demuestran que **la técnica qPCR Multiplex utilizada es una herramienta muy valiosa** ya que nos permite identificar más de una cepa por muestra en caso de estar presentes, permitiendo una visión más completa de la epidemiología, especialmente cuando es normal identificar cepas de origen vacunal debido a la elevada presión de vacunación.

A. GINER[1*], F. BLOND[2], T. BRU[3] y R. VILA[3]

[1] Zoetis Spain S.L.U. Av. Europa 20B, 28108, Madrid, España.
[2] Zoetis France SAS, 10 Rue Raymond David, 92240, Paris, France.
[3] Zoetis Manufacturing Research Spain S.L. 17813, Olot, Girona, España
*Autor de contacto: alberto.giner@zoetis.com

zoetis