

27. Bronquitis Infecciosa Aviar: genotipos identificados en España del 2020 al 2022

A. GINER* and I. DOMINGUEZ

¹Zoetis Spain S.L.U. 28050, Madrid, España; *e-mail: alberto.giner@zoetis.com

El Virus de Bronquitis Infecciosa Aviar (VBIA) es uno de los patógenos aviares más importantes a nivel mundial, produciendo pérdidas significativas por disminución de los resultados zootécnicos, bajada de la puesta de huevos y de su calidad, mortalidad y predisposición a infecciones bacterianas secundarias. Es un coronavirus caracterizado por una elevada variabilidad genética y patotípica. Continuamente se realizan estudios moleculares sobre muestras de hisopos secos traqueales/cloacales provenientes de pollos de engorde, ponedoras comerciales y reproductoras por monitoreo de rutina o por sospechas de VBIA. El presente estudio está basado en los hallazgos de distintas cepas del VBIA de muestras recibidas durante los años 2020, 2021 y 2022. Una vez que se ha extraído el ARN presente en las muestras (si lo hay), se realiza una RT-PCR que detecta la proteína N del VBIA. Si el resultado a esta RT-PCR es positiva, se realiza una segunda PCR (qPCR) que consta de 11 distintos iniciadores/cebadores que tienen blancos en áreas específicas del gen que codifica la proteína S1, permitiendo la detección simultánea (si hay más de una) de distintas variantes genotípicas. Esta técnica es capaz de detectar hasta 11 genotipos distintos simultáneamente (si están presentes): Massachusetts, D274, 793B, D1466, Italy02, Arkansas, QX, IS/1494/06 (Variante-2), Q1, D181e IB80. La cepa tipo-V1397 y algunas identificaciones de la IB80 se realizaron utilizando una secuenciación Sanger. Durante los años 2020 al 2022 se procesaron un total de 288 muestras provenientes de distintas regiones de España, de las cuales el porcentaje de muestras positivas estuvo en un rango del 88,46% al 90,48%. Las muestras provinieron de pollos de engorde, ponedoras comerciales y reproductoras pesadas en proporciones muy parecidas (35,54%, 34,49% y 29,97% respectivamente). Los resultados muestran que las cepas mayoritariamente detectadas son la QX y 793B, seguidas de la cepa Massachusetts y en menor porcentaje de la cepa Italy02 y de las nuevas cepas D181, IB80 y V1397-like. Las nuevas cepas de los tipos D181, IB80 y V1397-like se han identificado básicamente en gallinas ponedoras comerciales y reproductoras pesadas. La presencia de estas nuevas cepas plantea un reto en su control, requiriendo planes vacunales más completos que amplíen al máximo el espectro de la protección cruzada.

Palabras clave: RT-PCR; qPCR Multiplex; secuenciación Sanger; muestras; genotipos