Detección de un foco de influenza aviar H7N1 de baja patogenicidad en Lleida

El día 21 del presente mes de mayo se notificó, por parte de *Departament d'Agricultura* de la Generalitat de Catalunya, la detección de un virus de influenza aviar del subtipo H7N1 de baja patogenicidad en una granja de gallinas reproductoras de la provincia de Lleida.

Se trata de un lote de unas 13.000 reproductoras pesadas de 47 semanas de vida que estaba ubicado en una granja de una sola nave dividida en dos salas de igual capacidad y que disponía de todos los requisitos legales y de bioseguridad que marca la normativa. Las aves de una sala empezaron a presentar sintomatología leve, básicamente anorexia marcada con ligera disminución del consumo de agua, caída de la puesta (10%) y pérdida de coloración de la cáscara, heces húmedas de coloración verdosa y un 2% de mortalidad. En un primer momento y en base a que los hallazgos de necropsias son básicamente digestivos (enteritis), se sospecha de un cuadro de enteritis necrótica. Cuando aparecen síntomas en la otra sala y de acuerdo con el plan de vigilancia de la sanidad avícola vigente, el veterinario decide descartar que la causa de este cuadro clínico sea el virus de influenza. Los primeros análisis realizados en el *Centre de Sanitat Avícola de Catalunya* (CESAC) determinaron la presencia de un virus H7N1 en los animales y, posteriormente, la secuenciación de la hemaglutinina realizada en el Laboratorio de referencia del Ministerio de Agricultura confirmó la baja patogenicidad de este virus. Las gallinas fueron sacrificadas y la instalación desinfectada. También los huevos en incubación provenientes de esta explotación fueron destruidos. Afortunadamente, no había ninguna otra granja dentro del perímetro de 1 Km., que es el perímetro de vigilancia que marca la normativa europea para los virus de baja patogenicidad. De todas formas, las analíticas realizadas en las granjas próximas (dentro de un perímetro de 10 km.) han resultado negativas. Tampoco hay indicio de afectación de las personas que han estado en contacto con estos animales. Actualmente, el *Centre de Recerca en Sanitat Animal* (CReSA), está investigando el origen del brote.

La gripe o influenza es una enfermedad vírica que, en el ámbito veterinario, se conoce desde finales del siglo XIX. Está causada por un virus ARN de cadena simple que se clasifica dentro de la familia *Orthomyxoviridae* y del cual se conocen tres géneros: A, B y C. Los virus de influenza tipo A pueden afectar diferentes especies animales como las aves, la especie porcina, equina y también la especie humana. Una de las principales características del virus de influenza es que presenta un genoma segmentado; concretamente, los virus de influenza tipo A presentan 8 segmentos que codifican para 11 proteínas, de las cuales las proteínas de superfície, la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA), son las más conocidas.

Desde hace tiempo se tiene conocimiento que el reservorio natural de los virus de influenza son las aves silvestres, concretamente las anátidas, que en la mayoría de casos no expresan sintomatología alguna al ser infectadas por un virus de influenza, pero que excretan gran cantidad de virus vía heces. En la actualidad, se conocen 16 tipos de HA y 9 tipos de NA y se ha demostrado que de las 144 combinaciones posibles de HA y NA, se han aislado unas 103 a partir de aves silvestres. De hecho, en Cataluña y gracias al plan de vigilancia de influenza aviar en aves silvestres, se han detectado gran variedad de subtipos (H1N1, H4N6, H8N4, H10N4, etc) en aves silvestres, tanto migratorias como residentes, en los principales humedales (ver

Figura 1). Todos estos datos reflejan la importancia de este grupo de aves en el mantenimiento y evolución de los virus de influenza y, además, confirman que los virus de influenza están circulando de forma más o menos contínua en el medio.

El papel de la aves silvestres en los brotes de IA es el de, ocasionalmente, transmitir un virus de IA de baja patogenicidad a poblaciones de aves de producción en los que el virus después de circular durante un tiempo, puede mutar y transformarse en virus de alta patogenicidad. Este hecho ha sido ampliamente documentado en los últimos brotes de influenza de alta patogenicidad ocurridos en México (1995), Italia (1999-2001), Holanda (2003) y en el brote que en el 2009 hubo en una granja de ponedoras en Guadalajara causada por un virus e infleunza H7N7. Estas mutaciones que permiten el cambio en la virulencia de la cepa vírica ocurren en la HA y permiten que el virus pueda replicarse en la mayoría de tejidos del animal, causando una infección sistémica y grave. Los brotes de influenza de alta patogenicidad pueden llegar a provocar un 100% de mortalidad en aves de granja, con el elevadísimo coste económico que esto supone (Figura 2). Cabe destacar que en el caso que nos ocupa, la rapidez en la detección del virus y en la toma de medidas de control ha impedido que el virus circulante pudiera mutar a un virus de alta patogenicidad, evitando de esta forma mayores consecuencias tanto económicas como mediáticas.

Figura 1. Distribución espacio-temporal de los virus de influenza de baja patogenicidad detectados en Cataluña entre el 2006 y el 2009 (Busquets et al. 2010).

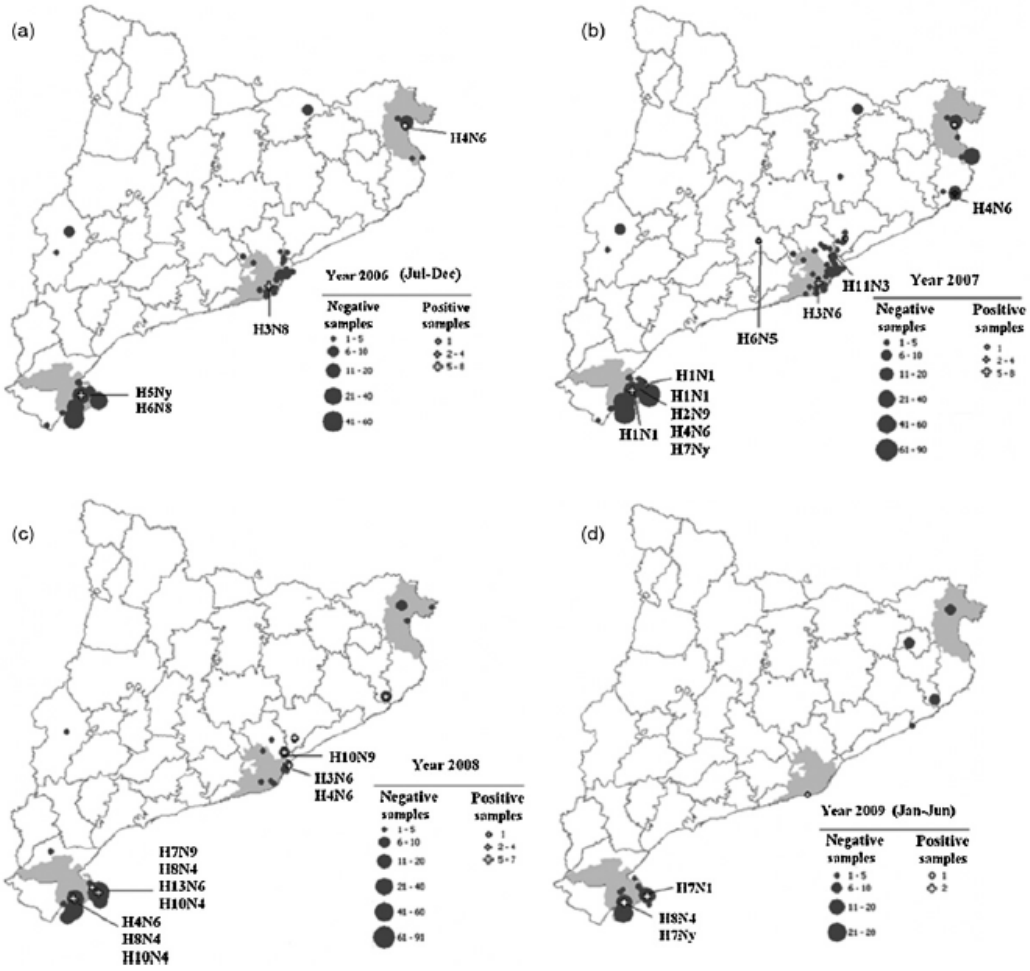
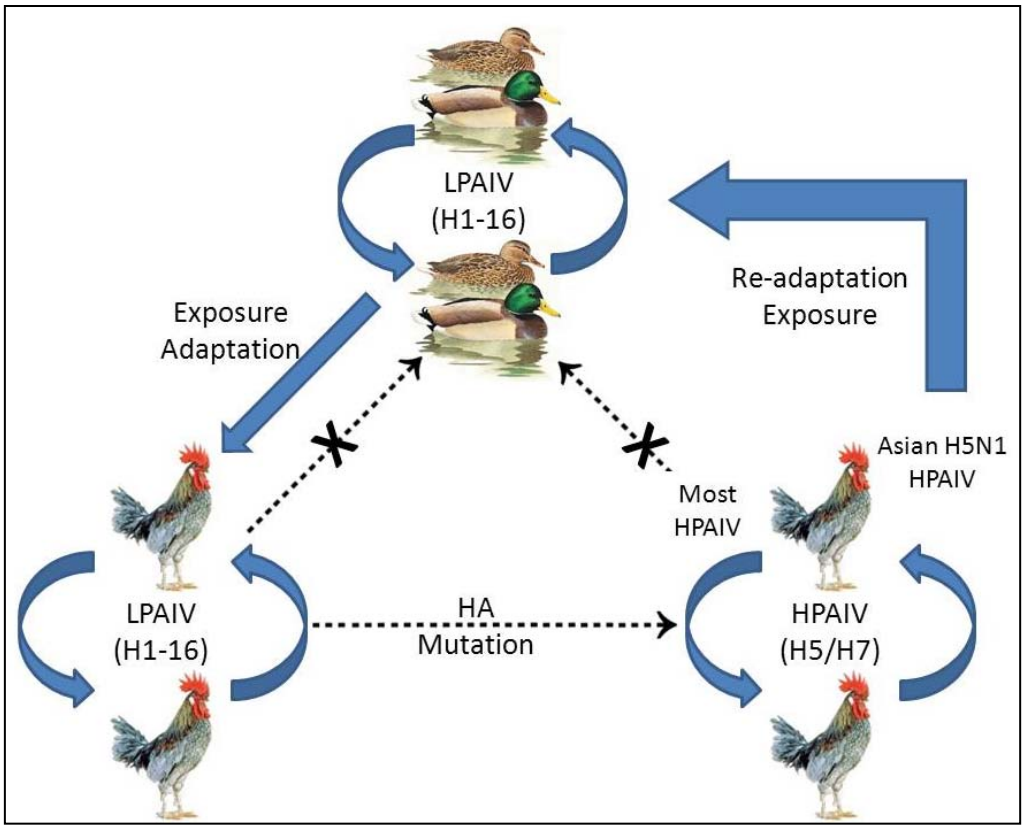


Figura 2. Ciclo de los virus de influenza: aves acuáticas como reservorio de virus de baja patogenicidad a partir del cual puede transmitirse a aves de producción en las cuales puede mutar a un virus de alta patogenicidad (modificado de Swayne et al., 2012).


LPAIV
(H1-16)
Exposure
Adaptation
Re-adaptation
Exposure
Asian H5N1
HPAIV
Most
HPAIV
LPAIV
(H1-16)
HA
Mutation
HPAIV
(H5/H7)