

Bronquitis aviar: Evolución del genotipo QX en España desde 2011

A. BLANCO ^{1*}, N. ANTILLÉS ¹, Q. CAMPRUBÍ ¹, R. JOVÉ ¹ y M. BIARNES ¹

¹ Centre de Sanitat Avícola de Catalunya i Aragó (CESAC), 43206 Reus, Tarragona, España
* ablanco@cesac.net

Introducción y objetivos

La bronquitis infecciosa aviar (IB) sigue siendo una de las mayores causas de pérdidas económicas de la avicultura industrial en todo el mundo. Es una enfermedad altamente contagiosa, de cuadro agudo que afecta a las aves de la especie *Gallus gallus* de cualquier edad y está producida por un Coronavirus. Desde los años 50 se ha constatado su gran tendencia a introducir cambios antigénicos produciendo nuevos serotipos y/o genotipos reportándose más de 60 diferentes. Esta gran capacidad de mutación y recombinación confiere al virus una rápida adaptación a presiones selectivas dificultando el control de la vacunación y obligando a tipificar la cepa de IBV involucrada en cada brote.

El objetivo de este estudio fue determinar la evolución observada dentro de un mismo genotipo de IBV, el genotipo QX, en España desde 2011 hasta el primer semestre de 2014, mediante técnicas de biología molecular: Retrotranscripción-Reacción en Cadena de la Polimerasa (RT-PCR) y secuenciación parcial del gen S1.

Material y métodos

El estudio incluye 94 cepas del genotipo de IB QX obtenidas a partir de muestras de tráquea y/o hisopos traqueales y/o riñón y/o tonsilas cecales de casos clínicos sospechosos de bronquitis infecciosa en aves de producción.

Los cebadores utilizados para la RT-PCR, y posterior secuenciación, fueron los descritos por Cavanagh *et al*, 1999, XCE1+ y XCE3- (S1, parcial) obteniéndose un producto de 383pb. La construcción del árbol filogenético se realizó con el programa MEGA 5.2 mediante ClustalW y Neighbor-Joining con un bootstrap de 1000 réplicas (**Figura 1**). Para elaborar la matriz identidad de los aislados pertenecientes a los diferentes grupos se utilizó el programa BioEdit 7.1.3.0. (**Tabla 1**).

Matriz Identidad	Spain/11/1307	Spain/12/1384	Spain/12/4741	Spain/13/8335-3	QX(D388) (DQ674739)	QX 2009/Xindadi (GU938442.1)
Spain/11/1307	ID	0,908	0,912	0,964	0,988	0,891
Spain/12/1384	0,908	ID	0,885	0,885	0,908	0,982
Spain/12/4741	0,912	0,885	ID	0,883	0,906	0,885
Spain/13/8335-3	0,964	0,885	0,883	ID	0,970	0,870
QX(D388) (DQ674739)	0,988	0,908	0,906	0,970	ID	0,897
QX 2009/Xindadi(GU938442.1)	0,891	0,982	0,885	0,870	0,897	ID

Tabla 1 Matriz identidad. Muestra el grado de similitud entre dos cepas de referencia (QX clásica y QX Xindadi) y cuatro aislados: **Spain/11/1307**, primer aislado de QX que se secuenció en el CESAC; **Spain/12/1384**, primer aislado perteneciente al grupo QX Xindadi secuenciado en el CESAC; **Spain/12/4741** y **Spain/13/8335-3**, dos aislados de aparición esporádica clasificados en grupos diferentes.

Resultados y discusión

- Se observa la presencia de dos grupos mayoritarios de cepas QX:
 - QX: grupo existente previo al estudio (datos desde principios de 2011)
 - QX Xindadi: grupo que aparece por primera vez en febrero de 2012 presentando una identidad del 92% con el grupo QX y 98% con la cepa aislada en Xindadi, China, en 2009 (GenBank GU938442.1).
- Desde la fecha de su aparición las cepas de este nuevo clúster muestran una tendencia a desplazar las cepas clásicas anteriores, siendo detectadas en el 65% de los casos de QX en 2012, en el 87,5% de los casos de 2013 y en el 100% de los casos de QX en el primer semestre de 2014.
- La aparición esporádica de cepas ligeramente diferentes a las habituales se da también en otros genotipos. Este hecho se relaciona con la alta capacidad de mutación y recombinación del virus de la bronquitis aviar. Estas cepas pueden no adaptarse al medio y/o al huésped y desaparecer o por el contrario adaptarse correctamente y formar un nuevo clúster genético.
- En algunos de los casos donde fue detectado el genotipo QX Xindadi en recría de ponedoras, los técnicos de campo sugirieron una menor patogenicidad, no obstante, esta suposición debe ser analizada en más profundidad y debe acompañarse de un estudio de desafío en aves SPF.
- Deberían llevarse a cabo estudios moleculares más amplios sobre el gen de la espícula para poder estudiar en más profundidad estas recombinaciones, su repercusión en cambios aminoacídicos y su posible relación con la patogenicidad

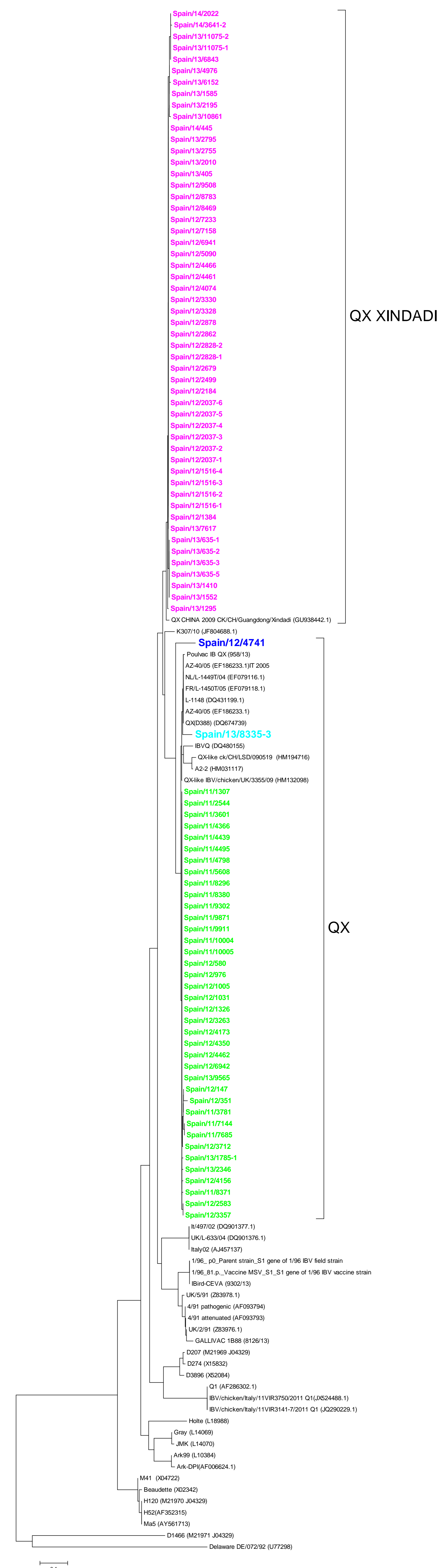


Figura 1 Árbol filogenético de las cepas QX analizadas y cepas de referencia. Las cepas de referencia aparecen identificadas por el número de acceso al Genbank. Las cepas analizadas se identifican mediante país de origen/año/referencia interna del CESAC. Los aislados ubicados en diferentes clústers se muestran en diferente color.