

10/2010

## Los virus circulantes de la gripe aviar en aves salvajes en Cataluña



Una investigación que se ha publicado recientemente en la revista *Virus Research*, en la que han participado investigadores del Centre de Recerca en Sanitat Animal (CRESA), ha demostrado que los virus circulantes de gripe aviar en las aves salvajes de Cataluña están relacionados filogenéticamente con los virus euroasiáticos. Este es el primer estudio donde se detectan y estudian evolutivamente diferentes subtipos del virus de gripe aviar en España provenientes de sus huéspedes naturales.

En los últimos años, y sobre todo a partir del brote de gripe aviar (GA) de alta patogenicidad H5N1, los virus de la gripe aviar han llegado a tener una gran importancia tanto en la salud pública como en la sanidad animal. En todo el mundo se han establecido programas de vigilancia tanto en aves salvajes como en aves de producción, para asegurar una detección precoz de estos virus y evitar así su transmisión y diseminación a otras especies animales, incluida la especie humana. Estos programas de vigilancia proporcionan, además, una

importante cantidad de información de los diferentes subtipos de virus de GA que circulan en las aves en diferentes partes del mundo.

Los virus de la gripe aviar tienen como huéspedes naturales las aves salvajes, sobre todo de los órdenes *Anseriformes* y *Charadriiformes* (mayoritariamente patos y gaviotas), donde los virus de GA son generalmente asintomáticos. Los virus de la gripe aviar se caracterizan por dos proteínas de superficie: la hemaglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA). Hasta el momento se han descrito 16 HA y 9 NA diferentes. La combinación de estas dos proteínas es lo que define el subtipo de un virus de GA y da nombre a una cepa concreta de virus (por ej. H5N1, H4N8, H13N2, etc.).

Dentro del programa de vigilancia de GA en aves salvajes en Cataluña y durante un periodo de 3 años, desde mediados del 2006 hasta mediados del 2009, se muestrearon un total de 1.374 aves salvajes pertenecientes a 16 familias diferentes. En estas aves, se detectaron, mediante técnicas de biología molecular (RT-PCR a tiempo real), un total de 62 virus de GA. Estos virus se detectaron mayoritariamente en las familias: *Anatidae*, *Phoenicoteridae*, *Rallidae* y *Laridae*. Del 62 virus detectados, 28 se pudieron aislar en huevos embrionados y se pudieron subtipificar, encontrando 10 hemaglutininas y 7 neuraminidasas en 13 combinaciones de subtipos diferentes. Los subtipos más comunes fueron H4N6 y H1N1. Durante este periodo de estudio se detectaron 4 subtipos H7 y 1 subtipo H5, todos ellos de baja patogenicidad. Ambos subtipos son de gran interés, ya que son los subtipos que tras una introducción a las aves de consumo, como las gallinas, tienen la capacidad de mutar a virus de GA de alta patogenicidad provocando grandes pérdidas económicas en el sector avícola, e incluso como el caso del brote H5N1 de 2005, pueden afectar gravemente a las personas.

Se secuenciaron los diferentes subtipos de los virus de GA y se compararon con los genomas de otros virus de GA disponibles en la base de datos del GenBank. Los estudios filogenéticos que se realizaron a partir de los genes HA y NA revelaron que todos los genes secuenciados de los virus encontrados a partir de aves salvajes en Cataluña tenían una relación evolutiva con virus de GA de Europa, Asia y África, incluyendo secuencias de los subtipos H8, N4 y N5, que fueron analizados filogenéticamente por primera vez en Europa. Los análisis filogenéticos del subtipo H1N1 aislado en patos en Cataluña respecto al virus humano H1N1 pandémico de 2009 de origen porcino, mostró efectivamente que estos dos virus distan filogenéticamente a nivel de la H1 ya que el virus humano H1N1 es de origen porcino y no aviar. En cuanto al gen de la N1 pero, ambos virus no están tan lejos evolutivamente, ya que, el subtipo H1N1 aislado en patos en Cataluña y el virus humano H1N1 pandémico de 2009 de origen porcino pertenecen al grupo euroasiático.

En conclusión, los resultados de este estudio de 3 años de vigilancia llevado a cabo por un grupo de investigadores del CReSA, conjuntamente con personal del DAR y DMAiH, muestran que no se ha detectado ningún virus de alta patogenicidad en aves salvajes en Cataluña y que los virus de GA circulantes en nuestro país pertenecen a un grupo filogenético euroasiático, claramente diferenciado del americano. Este hecho se correlaciona perfectamente con las rutas migratorias de las aves salvajes que pasan por Cataluña, rutas del Norte de Europa y África. Además, este trabajo aporta nueva información ecológica del virus de GA en la zona Mediterráneo occidental, de la que no había información a nivel de península Ibérica.

Esta investigación se ha llevado a cabo dentro del marco del programa de vigilancia de gripe aviar en aves salvajes encargado el CReSA por parte del Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR) y en colaboración con el Departament de Medio Ambient i Habitatge (DMAiH).

**Núria Busquets Martí**

[nuria.busquets@cresa.uab.cat](mailto:nuria.busquets@cresa.uab.cat)

## Referencias

"Influenza A virus subtypes in wild birds in North-Eastern Spain (Catalonia)". Núria Busquets, Anna Alba, Sebastián Napp, Azucena Sánchez, Erika Serrano, Raquel Rivas, José Ignacio Núñez i Natàlia Majó. Virus Res. On line, 4 Gener 2010.

[View low-bandwidth version](#)