

Estudi genètic dels virus de la influència A circulants en porcs a Espanya

06/2014 - Ciència Animal. Un estudi genètic dels virus de la influència A circulants en porcs al nord-est d'Espanya durant el període 2006-2007 revela la seva pertinença a tres subtipus de soques de grip porcina. La majoria estaven genèticament relacionades amb d'altres europees, fet que indica la seva introducció o reintroducció transfronterera en ramats espanyols. Altres soques, divergents de les europees, suggereixen la persistència d'alguns virus en determinades regions. L'estudi dels factors que porten a aquestes dues situacions podria ajudar a millorar el coneixement sobre l'epidemiologia de la malaltia i a crear plans de control.



Les seqüències genòmiques completes d'alguns virus de la influència porcina circulants a Espanya, procedents de brots separats suggereixen que aquets brots podrien ser causats per la persistència d'alguns virus en determinades regions espanyoles.

Investigadors del CReSA han dut a terme la caracterització genètica de virus de la influència A circulants en porcs al nord-est d'Espanya durant el període 2006-2007. L'anàlisi filogenètic ha revelat que pertanyien a les línies de "tipus aviar" H1N1, "tipus humà" H3N2 i "tipus humà" H1N2, i mostraven una relació de molta proximitat amb soques primerenques i soques contemporànies descrites a Europa. Un virus del subtipus H1N2 en especial va mostrar divergència genètica i antigènica amb les soques europees contemporànies o soques vacunals del mateix subtipus, cosa que suggereix que alguns *clusters* locals i divergents del virus poden passar desapercibuts en un procés estàndard d'identificació del subtipus. Finalment, l'anàlisi del patró complet de segments del genoma va suggerir que un segon episodi de recombinació genòmica podria haver influït en l'evolució d'aquesta soca divergent d'H1N2.

El virus de la influència porcina (VIP) és un dels patògens més importants del complex respiratori porcí. Malgrat que estudis serològics recents han mostrat que a Espanya hi ha una gran prevalença de soques de grip porcina dels subtipus H1N1, H1N2 i H3N2 circulant en els porcs, se sabia poca cosa de la seva seqüència genòmica.

Segons la Dra. María Montoya, responsable de l'estudi: "Les característiques genètiques d'alguns d'aquests virus que circulaven a Espanya en el període 2006-2007 han donar algunes pistes sobre la introducció o reintroducció transfrontereres dels VIP en ramats espanyols de porcs, un fet habitual en aquell període. Tot i així, aquest estudi també suggereix que els brots de VIP podrien ser causats per la persistència d'alguns virus en determinades regions espanyoles".

Alhora, la Dra. Montoya emfatitza que s'haurien investigar els factors que porten a aquesta situació combinada (introducció-reintroducció i persistència de soques de VIP) ja que aquesta informació podria ajudar a millorar el coneixement sobre l'epidemiologia del VIP després que es produeixin brots pandèmics. A més, en un futur també podria resultar útil en la creació de plans de control de la malaltia.

María Montoya

Centre de Recerca en Sanitat Animal

Baratelli, M.; Córdoba, L.; Pérez, L.J.; Maldonado, J.; Fraile, L.; Núñez, J.I.; Montoya, M. [Genetic characterization of influenza A viruses circulating in pigs and isolated in north-east Spain during the period 2006-2007](#). *Research in Veterinary Science* 96(2): 380-388. 2013. DOI: 10.1016/j.rvsc.2013.12.006.