

06/2014

Estudio genético de los virus de la influenza A circulantes en cerdos en España



Un estudio genético de los virus de la influenza A circulantes en cerdos en el noreste de España durante el periodo 2006-2007 revela su pertenencia a tres subtipos de cepas de gripe porcina. La mayoría estaban genéticamente relacionadas con otras europeas, lo que indica su introducción o reintroducción transfronteriza en rebaños españoles. Otras cepas, divergentes de las europeas, sugieren la persistencia de algunos virus en determinadas regiones. El estudio de los factores que llevan a estas dos situaciones podría ayudar a mejorar el conocimiento sobre la epidemiología de la enfermedad y a crear planes de control.

Las secuencias genómicas completas de algunos virus de influenza porcina circulantes en España, procedentes de brotes separados, sugieren que estos brotes podrían ser debidos a la persistencia de algunos virus en determinadas regiones españolas.

Investigadores del CReSA han llevado a cabo la caracterización genética de virus de la influenza A circulantes en cerdos en el noreste de España durante el periodo 2006-2007. El análisis filogenético ha revelado que pertenecían a las líneas "tipo aviar" H1N1, "tipo humano" H3N2, y "tipo humano" H1N2, y mostraban una estrecha relación con cepas tempranas y cepas contemporáneas descritas en Europa. Un virus del subtipo H1N2 mostró especialmente

divergencia genética y antigénica con las cepas europeas contemporáneas o cepas vacunales del mismo subtipo, lo que sugiere que algunos *clusters* locales y divergentes del virus pueden pasar desapercibidos en un proceso estándar de identificación de subtipo. Finalmente, el análisis del patrón completo de segmentos del genoma sugirió que un segundo episodio de recombinación genómica pudo haber influido en la evolución de esa cepa divergente de H1N2.

El virus de la influenza porcina (VIP) es uno de los patógenos más importantes del complejo respiratorio porcino. Aunque estudios serológicos recientes han mostrado que hay una gran prevalencia de cepas de gripe porcina de los subtipos H1N1, H1N2 y H3N2 circulando en los cerdos en España, se sabía poco de su secuencia genómica.

Según la Dra. María Montoya, responsable del estudio, "Las características genéticas de algunos de estos virus circulantes en España en el período 2006-2007 han mostrado algunas claves sobre la introducción o reintroducción transfronterizas de dichos virus en rebaños españoles de cerdos, un acontecimiento habitual en ese período. Sin embargo, este estudio también sugiere que los brotes de VIP podrían ser debidos a la persistencia de algunos virus en determinadas regiones españolas".

Asimismo, la Dra. Montoya enfatiza que deberían investigarse los factores que conducen a esta situación combinada (introducción-reintroducción y persistencia de cepas de VIP) puesto que esta información podría ser de ayuda en la mejora del conocimiento sobre la epidemiología del VIP tras brotes pandémicos. Además, también podría resultar útil en el futuro para la creación de planes de control de la enfermedad.

María Montoya

maria.montoya@cresa.uab.cat

Referencias

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.

[View low-bandwidth version](#)