

Els virus circulants de la grip aviària en aus salvatges a Catalunya

10/2010 - Ciència Animal.

#Una recerca que s'ha publicat recentment a la revista *Virus Research*, en què han participat investigadors del Centre de Recerca en Sanitat Animal (CRESA), ha demostrat que els virus circulants d'influença aviària en les aus salvatges de Catalunya estan relacionats filogenèticament amb els virus eurasiàtics. Aquest és el primer estudi on es detecten i s'estudien evolutivament diferents subtipus del virus de grip aviària a Espanya provinents dels seus hostes naturals.



Pollet de gavina capturat pels investigadors a les illes Medes.

En els darrers anys, i sobretot a partir del brot d'influença aviària (IA) d'alta patogenicitat H5N1, els virus de la grip aviària han arribat a tenir una gran importància tant pel que fa a la salut pública com a la sanitat animal. Arreu del món s'han establert programes de vigilància tant en aus salvatges com en aus de producció, per tal d'assegurar una detecció precoç d'aquests virus i evitar així la seva transmissió i disseminació a altres espècies animals, inclosa l'espècie humana. Aquests programes de vigilància proporcionen, a més, una important quantitat d'informació dels diferents subtipus de virus d'IA que circulen en les aus en diferents parts del món.

Els virus de la grip aviària tenen com a hostes naturals les aus salvatges, sobretot dels ordres Anseriformes i Charadriiformes (majoritàriament ànecs i gavines), on els virus d'IA són generalment asimptomàtics. Els virus de la grip aviària es caracteritzen per dues proteïnes de superfície: l'hemaglutinina (HA) i la neuraminidasa (NA). Fins al moment s'han descrit 16 HA i 9 NA diferents. La combinació d'aquestes dues proteïnes és el que defineix el subtipus d'un virus d'IA i dona nom a una soca concreta de virus (per ex. H5N1, H4N8, H13N2, etc.).

Dins del programa de vigilància d'IA en aus salvatges a Catalunya i durant un període de 3 anys, des de mitjans del 2006 fins a mitjans del 2009, es van mostrejar un total de 1.374 aus salvatges pertanyents a 16 famílies diferents. En aquestes aus, es van detectar, mitjançant tècniques de biologia molecular (RT-PCR a temps real), un total de 62 virus d'IA. Aquests virus es van detectar majoritàriament en les famílies: Anatidae, Phoenicopteridae, Rallidae i Laridae. Del 62 virus detectats, 28 es van poder aïllar en ous embrionats i es van poder subtipificar, trobant 10 hemaglutinines i 7 neuraminidases en 13 combinacions de subtipus diferents. Els subtipus més comuns van ser H4N6 i H1N1. Durant aquest període d'estudi es van detectar 4 subtipus H7 i 1 subtipus H5, tots ells de baixa patogenicitat. Ambdós subtipus són de gran interès, ja que són els subtipus que després d'una introducció a les aus de consum, com les gallines, tenen la capacitat de mutar a virus d'IA d'alta patogenicitat provocant grans pèrdues econòmiques en el sector avícola, i fins i tot com el cas del brot H5N1 de l'any 2005, poden afectar greument a les persones.

Es van seqüenciar els diferents subtipus dels virus d'IA i es van comparar amb els genomes d'altres virus d'IA disponibles a la base de dades del GenBank. Els estudis filogenètics que es van realitzar a partir dels gens HA i NA van revelar que tots els gens seqüenciats dels virus trobats a partir d'aus salvatges a Catalunya tenien una relació evolutiva amb virus d'IA d'Europa, Àsia i Àfrica, incloent seqüències dels subtipus H8, N4 i N5, que van ser analitzats filogenèticament per primera vegada a Europa. Els anàlisis filogenètics del subtipus H1N1 aïllat en ànecs a Catalunya respecte el virus humà H1N1 pandèmic del

2009 d'origen porcí, mostrà efectivament que aquests dos virus disten filogenèticament a nivell de la H1 ja que el virus humà H1N1 és d'origen porcí i no aviar. Pel que fa al gen de la N1 però, ambdós virus no estan tant lluny evolutivament, ja que, el subtipus H1N1 aïllat en ànecs a Catalunya i el virus humà H1N1 pandèmic del 2009 d'origen porcí pertanyen al grup eurasiàtic.

En conclusió, els resultats d'aquest estudi de 3 anys de vigilància dut a terme per un grup d'investigadors del CReSA, conjuntament amb personal del DAR i DMAiH, mostren que no s'ha detectat cap virus d'alta patogenicitat en aus salvatges a Catalunya i que els virus d'IA circulants al nostre país pertanyen a un grup filogenètic eurasiàtic, clarament diferenciat de l'americà. Aquest fet es correlaciona perfectament amb les rutes migratòries de les aus salvatges que passen per Catalunya, rutes del Nord d'Europa i Àfrica. A més, aquest treball aporta nova informació ecològica del virus d'IA a la zona Mediterrània occidental, de la qual no hi havia informació a nivell de península Ibèrica.

Aquesta recerca s'ha dut a terme dins del marc del programa de vigilància d'influença aviària en aus salvatges encarregat al CReSA per part del Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR) i amb col·laboració amb el Departament de Medi Ambient i Habitatge (DMAiH).

Núria Busquets Martí

Centre de Recerca en Sanitat Animal

"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.