



MESA REDONDA: PRRS. Nuevas Cepas de Alta Virulencia

**Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de
virulencia atípica aislada en granjas de España entre
2020 y 2022**



Gerard E. Martín Valls

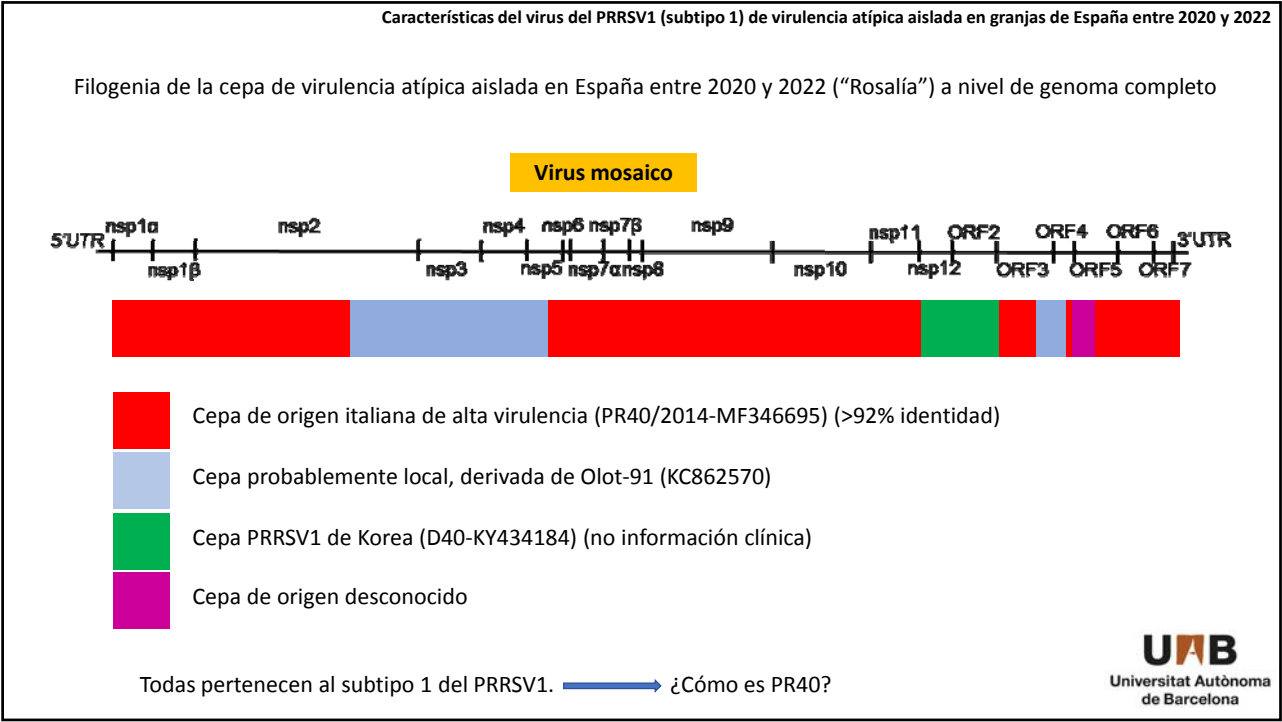
Departament de Sanitat i d'Anatomia Animals
Facultat de Veterinària de la UAB

gerard.martin@uab.cat

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

- 1) Filogenia de la cepa de virulencia atípica aislada en España entre 2020 y 2022 ("Rosalía") a nivel de genoma completo.
- 2) ¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?
- 3) ¿Como cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?





- Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022
- 1) Filogenia de la cepa de virulencia atípica aislada en España entre 2020 y 2022 ("Rosalía") a nivel de genoma completo.
 - 2) ¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?
 - 3) ¿Como cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?
- UAB**
Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?



Contents lists available at ScienceDirect
Veterinary Microbiology
journal homepage: www.elsevier.com/locate/vetmic



Phenotypic characterization of a highly pathogenic Italian porcine reproductive and respiratory syndrome virus (PRRSV) type 1 subtype 1 isolate in experimentally infected pigs

Elena Canelli^{a,*}, Alessia Catella^a, Paolo Borghetti^a, Luca Ferrari^a, Giulia Ogno^a, Elena De Angelis^a, Attilio Corradi^a, Benedetta Passeri^a, Valeria Bertani^a, Giampietro Sandri^b, Paolo Bonilauri^c, Frederick C. Leung^{d,e}, Stefano Guazzetti^f, Paolo Martelli^a

*PRRSV-1_PR40/2014, hereafter named PR40, was isolated from a weaner belonging to a commercial site 2 herd in Italy, experiencing an uncommon PRRS outbreak characterized by **high fever, severe respiratory and systemic clinical signs and high post-weaning mortality (up to 50%).***

Comparan 3 grupos;

- Control (3 animales)
- PR11 (cepa “convencional” italiana de subtipo 1) (7 animales)
- PR40 (7 animales)



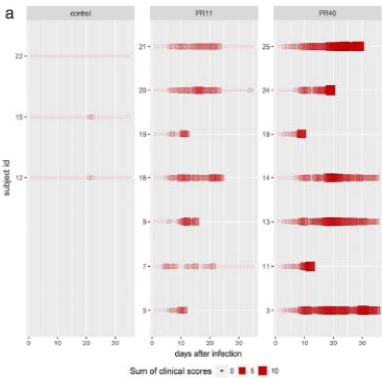
Canelli et al. 2017.Vet. Microbiol 210:124-133



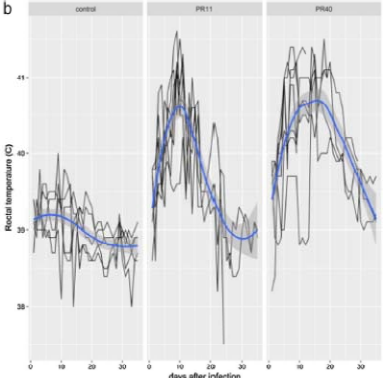
Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

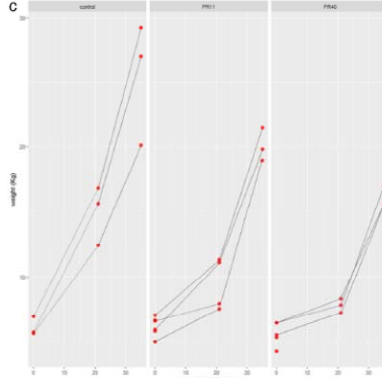
¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?



Sum of clinical scores: 0 (white), 1 (light red), 2 (red), 3 (dark red), 4 (black)



Rectal temperature (°C)



Gross Mortality (GMD)

- Peores **scores** clínicos para PR40
- Mortalidad elevada para ambos PR11 y PR40 (4/7 animales) → infecciones secundarias
- Mayor duración de la clínica en PR40

- Pico de fiebre similar para PR11 y PR40
- Duración de la fiebre superior para PR40 (>20 días)

- Peor GMD para PR40
- “n” de 3 animales insuficiente

Canelli et al. 2017.Vet. Microbiol 210:124-133



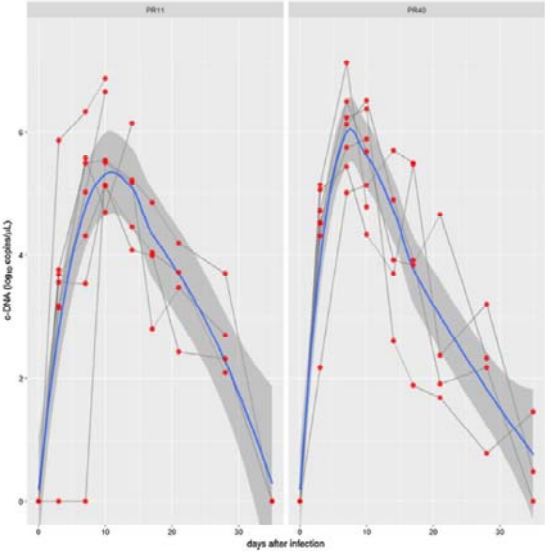
Universitat Autònoma de Barcelona

PRRS-GERARD MARTIN

3

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?



¿Lesiones?

- ✓ Atrofia de nucleos germinales en timo y linfonodos bronquiales y linfocitopenia.
- ✓ Lesiones observadas tanto en PR11 como en PR40, mayor gravedad de las lesiones en el grupo
- ✓ El número de animales es muy limitado.

Canelli et al. 2017.Vet. Microbiol 210:124-133



Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?



Efficacy of a modified-live virus vaccine in pigs experimentally infected with a highly pathogenic porcine reproductive and respiratory syndrome virus type 1 (HP-PRRSV-1)

Elena Canelli^{a,*}, Alessia Catella^b, Paolo Borghetti^c, Luca Ferrari^d, Giulia Ogno^e, Elena De Angelis^f, Paolo Bonilauri^g, Stefano Guazzetti^h, Roberto Nardiniⁱ, Paolo Martelli^j

^aDepartment of Veterinary Science, University of Parma, Strada del Taglio 10, 43126, Parma, Italy

^bIZSLB, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna "B. Libertini", Unit of Reggio Emilia, Via Piossena 2, 42100, Reggio Emilia, Italy

^cIZSL, Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Toscana "M. Aleandri", Via Appia Nuova, 1411, 00178 Rome, Italy

- ✓ Protección parcial
- ✓ Reducción de la virèmia
- ✓ Reducción de “scores” clínicos

➡

- Número de animales muy limitado
- ¿Extrapolable a campo?

¿Cuál es vuestra experiencia en campo?



Universitat Autònoma de Barcelona

Canelli et al., 2018. Vet Microbiol. 226:89-96.

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

1) Filogenia de la cepa de virulencia atípica aislada en España entre 2020 y 2022 (“Rosalía”) a nivel de genoma completo.

2) ¿Qué sabemos de la cepa de PRRSV1 PR40 italiana de virulencia atípica (una de las cepas parentales)?

3) ¿Como cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

UAB

Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Cómo cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

Entre 2020 y 2022 secuenciación de genoma completo del virus de 10 orígenes (granjas y pirámides productivas) diferentes

En total, 66 genomas secuenciados, 37 genomas completos derivados de la cepa de virulencia atípica

10 variantes del virus

1) Análisis comparativo con cepas PRRSV1 “convencionales” de deriva genética

¿Cambia más o menos rápidamente?

(Hecho a partir de 49 genomas)

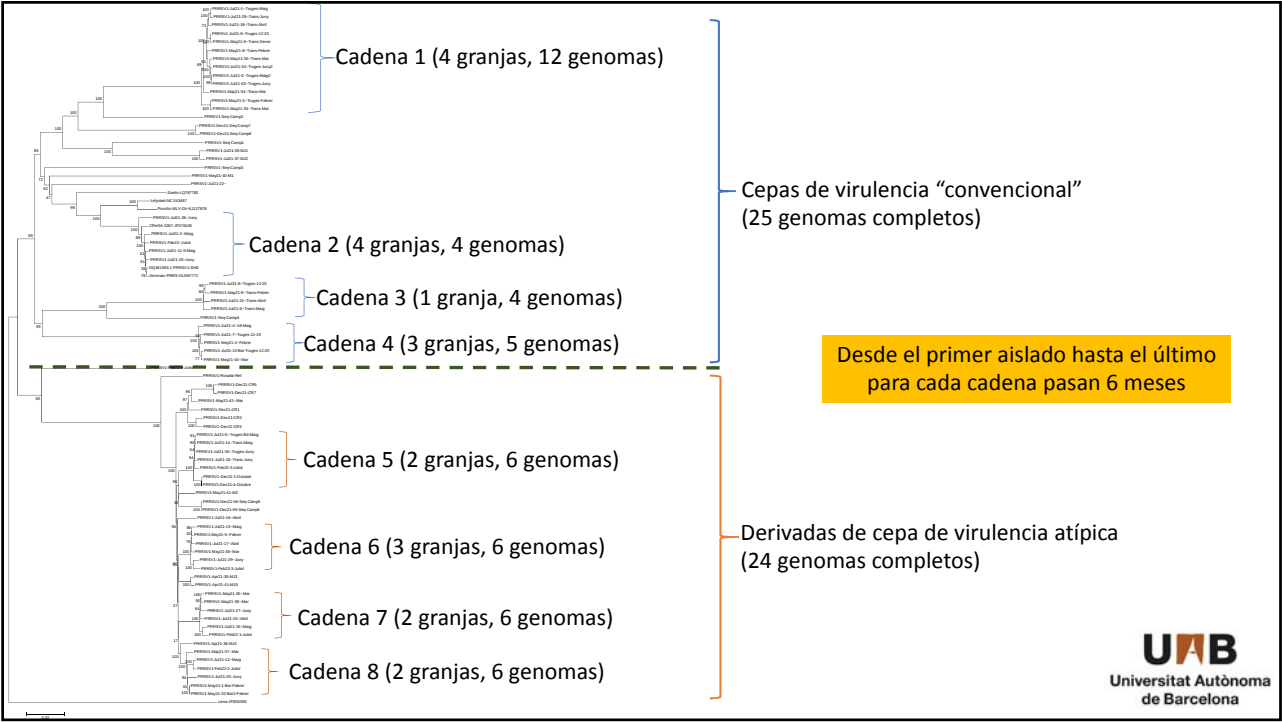
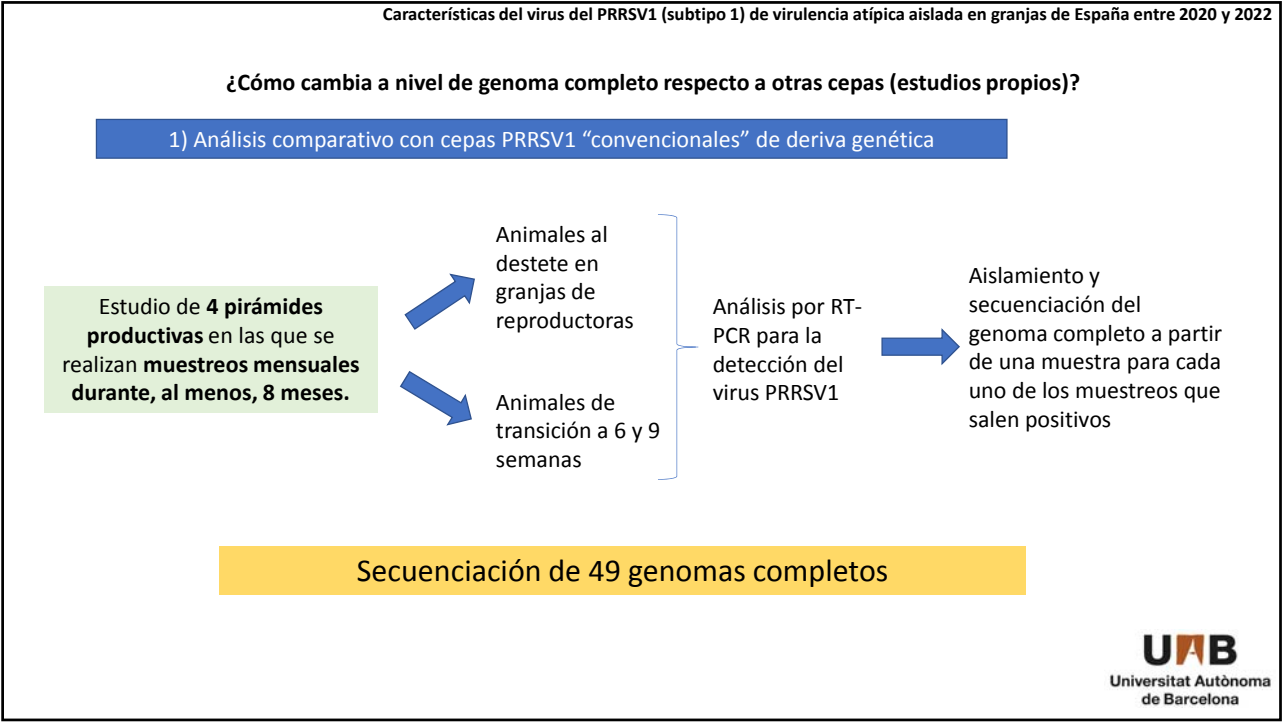
2) Análisis de recombinación

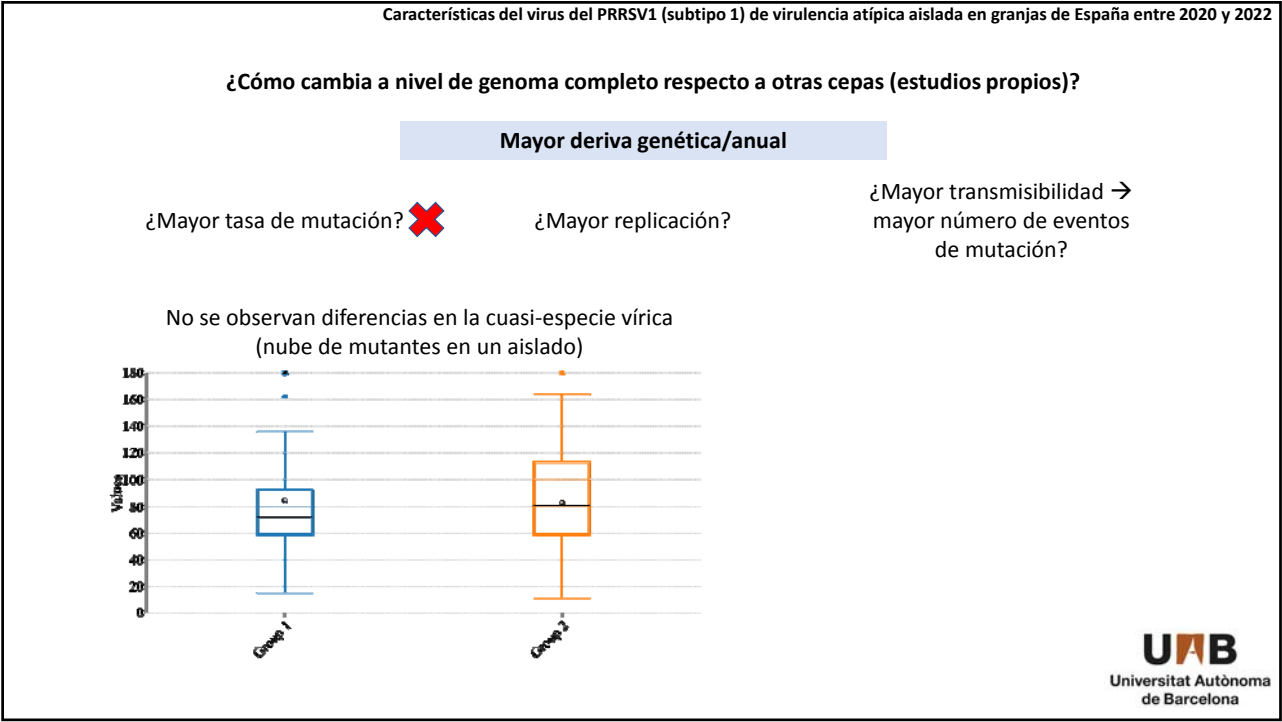
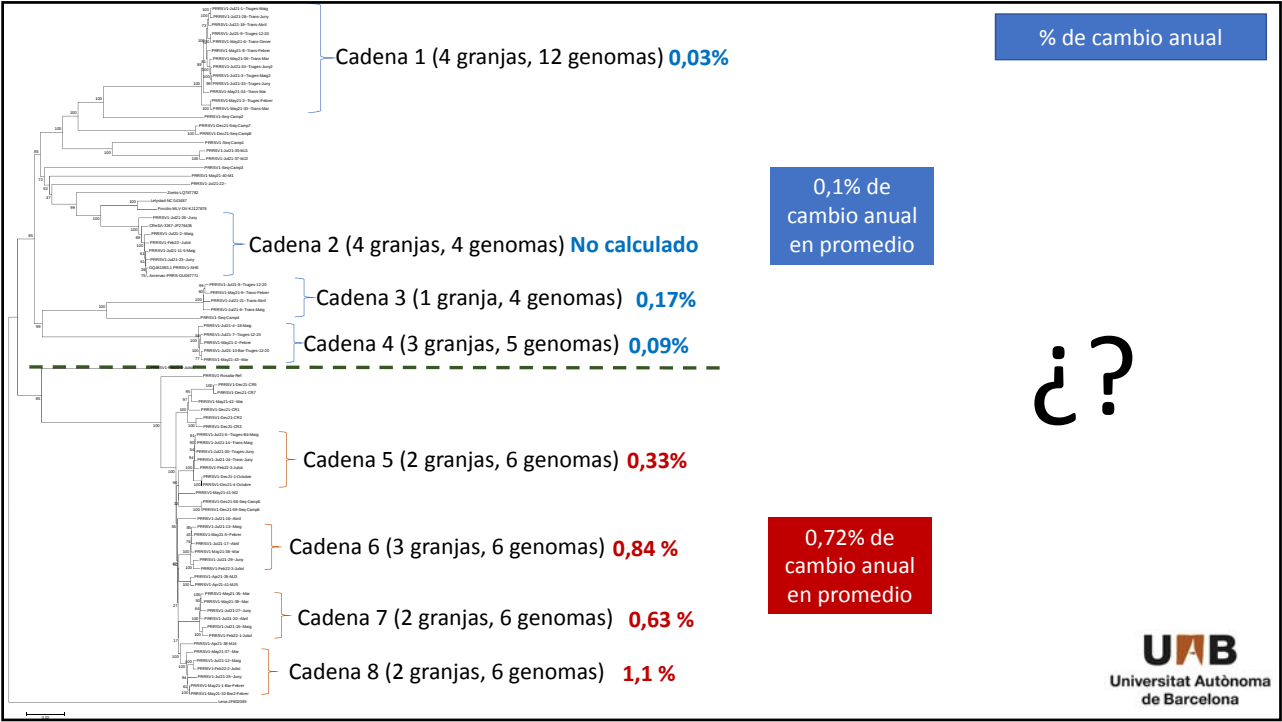
¿Cómo afecta a nivel de caracterización? ¿Riesgos?

(Hecho a partir de 66 genomas)

UAB

Universitat Autònoma de Barcelona



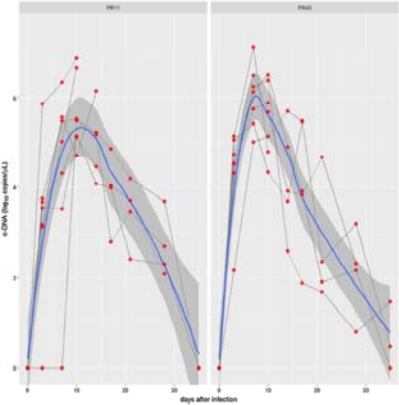


Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Cómo cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

Mayor deriva genética/anual

¿Mayor tasa de mutación? ❌



¿Mayor replicación? ✔️

¿Mayor transmisibilidad → mayor número de eventos de mutación?

- Probablemente si
- Estudios de cinética de replicación en macrófago alveolar porcino!
- Infección experimental → cálculo del área bajo la curva

Canelli et al. 2017.Vet. Microbiol 210:124-133

UAB
Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Cómo cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

Mayor deriva genética/anual

¿Mayor tasa de mutación? ❌

¿Mayor replicación? ✔️

¿Mayor transmisibilidad → mayor número de eventos de mutación? ✔️

- Probablemente si
- Rápida transmisibilidad entre granjas (la mitad de los aislados de las pirámides estudiadas)
- ¿Mayor incidencia? → brotes epidémicos, gran impacto a transición - engorde

UAB
Universitat Autònoma de Barcelona

Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

¿Cómo cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

Mayor deriva genética/anual

¿Mayor tasa de mutación? 

¿Mayor replicación?

¿Mayor transmisibilidad → mayor número de eventos de mutación?

Mayor replicación



Mayor transmisibilidad



Mayor variación por
mutación (deriva
genética)

- Análisis de la variación cualitativo para todas las ORFs; diferencia de cambios entre zonas del genoma, ¿relevancia?
- Análisis epidemiológico – impacto productivo; posibles diferencias en impacto?
- Infección experimental → comparación con otras cepas

UAB
Universitat Autònoma
de Barcelona

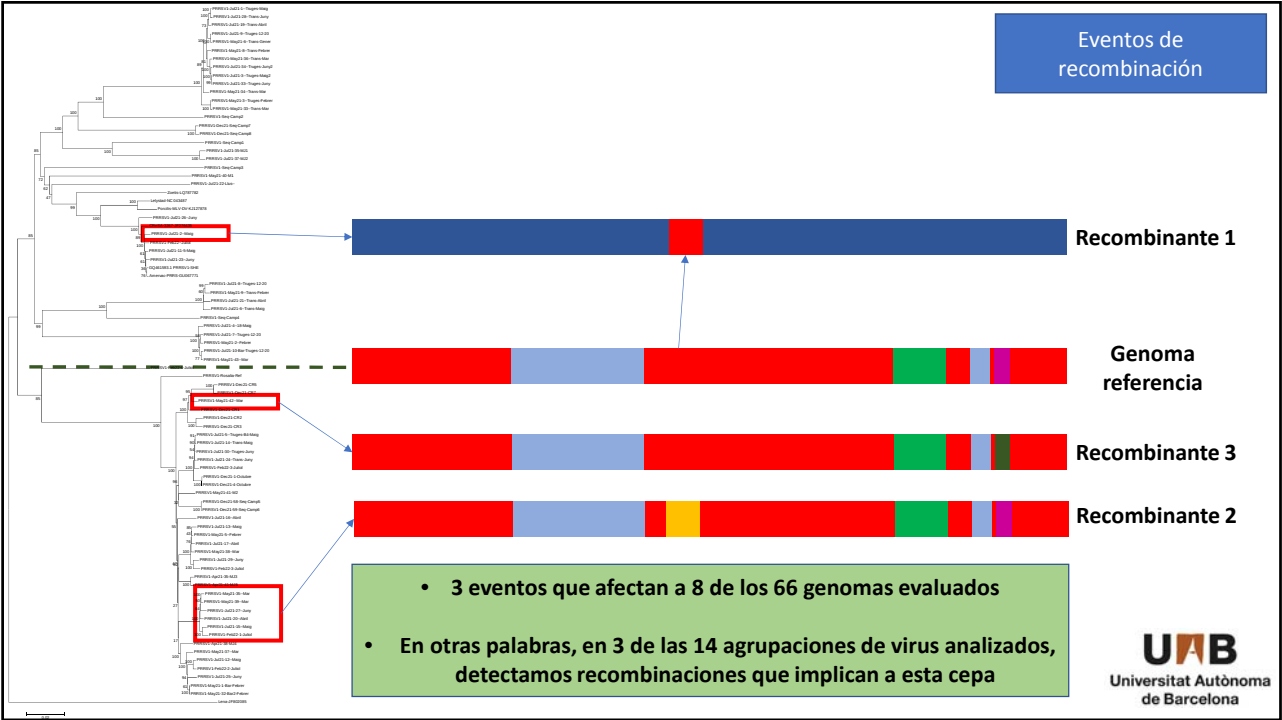
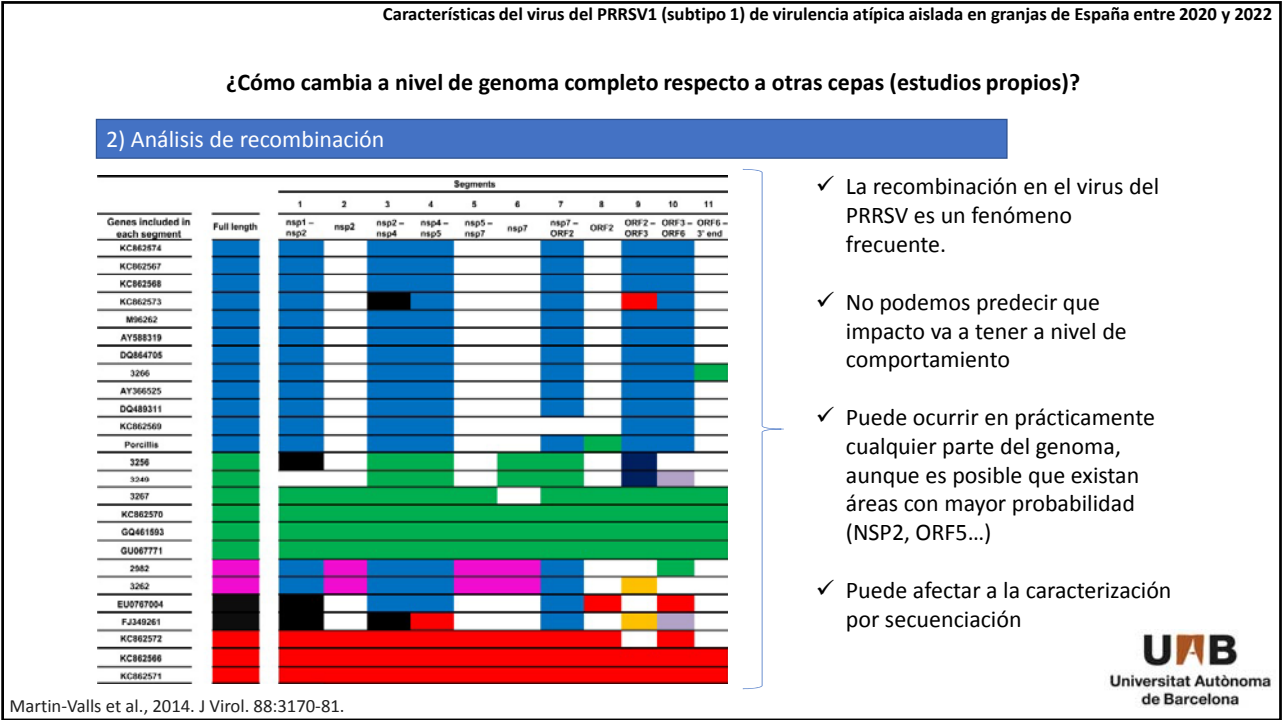
Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

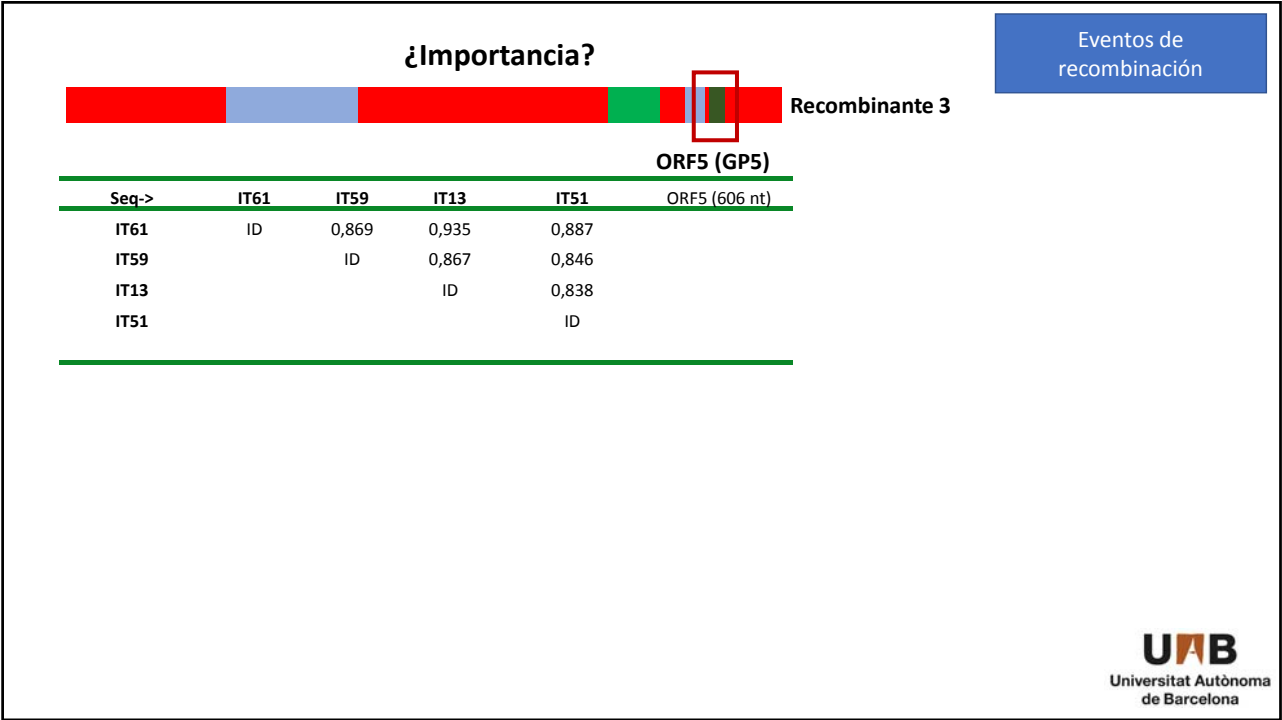
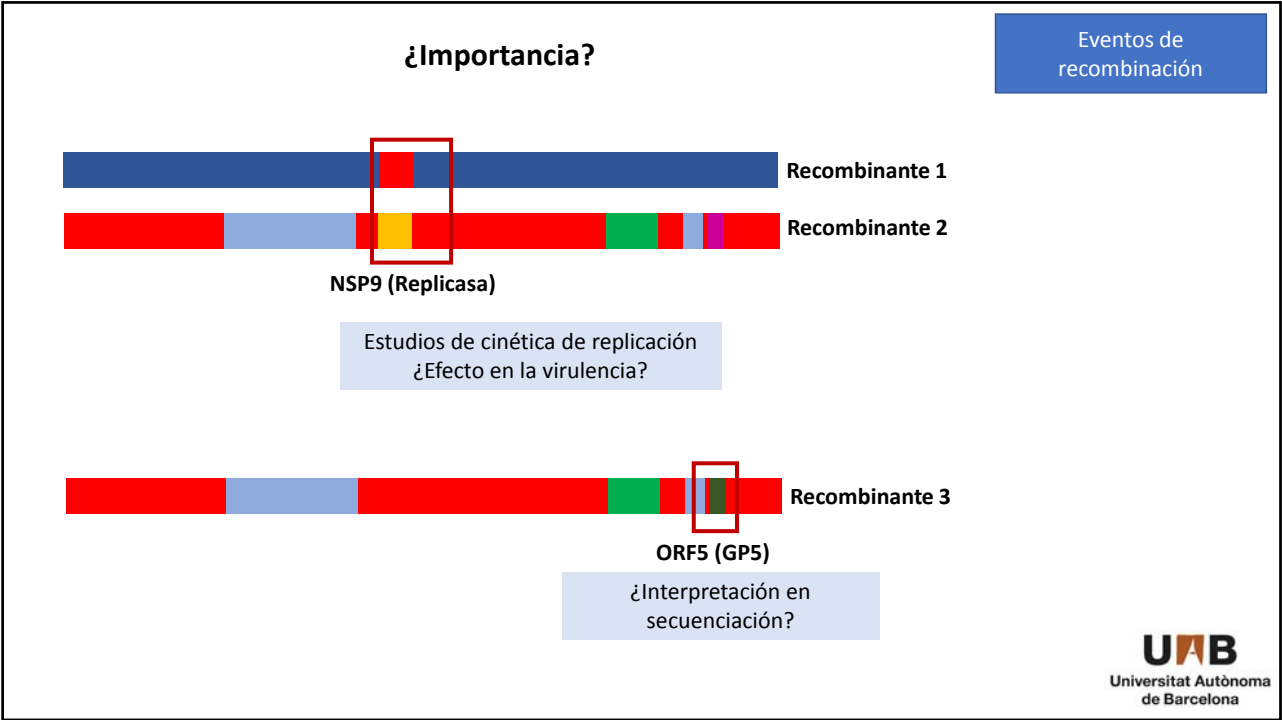
¿Cómo cambia a nivel de genoma completo respecto a otras cepas (estudios propios)?

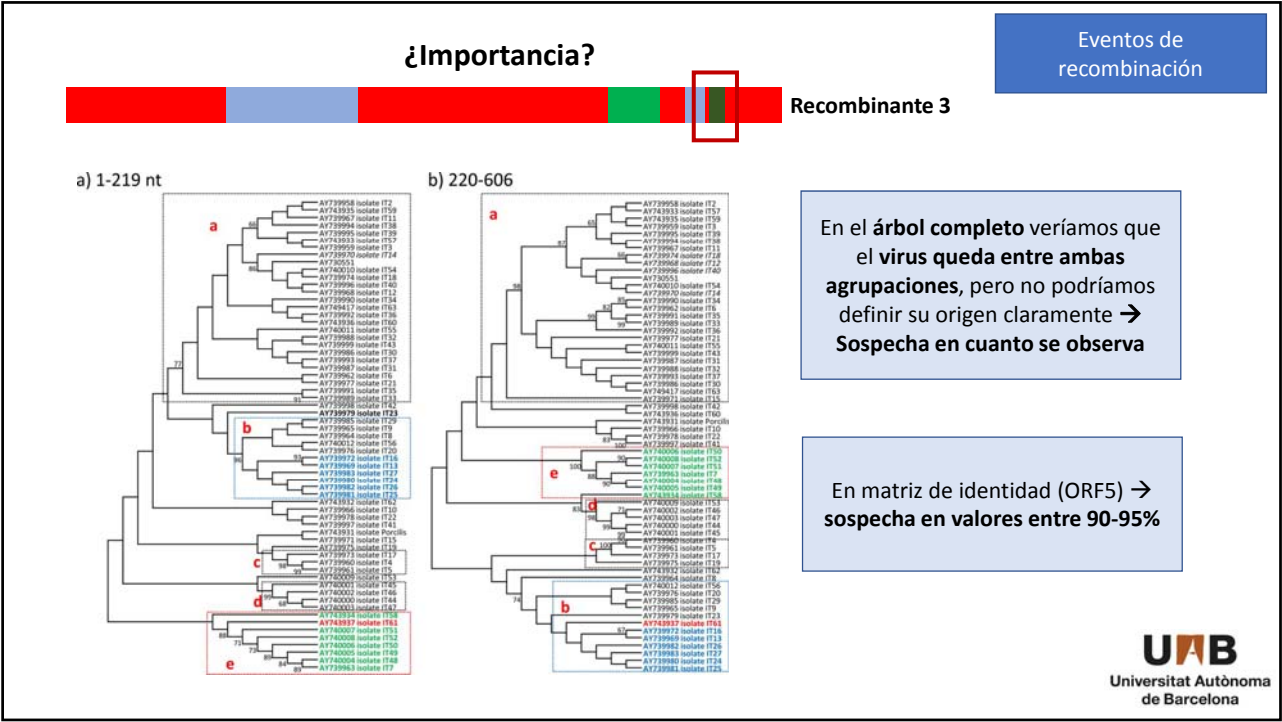
2) Análisis de recombinación



Universitat Autònoma
de Barcelona







Características del virus del PRRSV1 (subtipo 1) de virulencia atípica aislada en granjas de España entre 2020 y 2022

RESUMEN

1. Desde 2020 se detecta un virus del PRRSV1, subtipo 1 (Rosalia), en una proporción muy importante de explotaciones porcinas en brotes clínicos caracterizados por presentar, aparentemente, una virulencia atípica.

2. Este virus presenta evidencias de recombinación entre cepas del subtipo 1, siendo su mayor parental la cepa PR40/2014 de alta virulencia, y en menor medida cepas una cepa española, una asiática y otra de origen no determinado.

3. En comparación con otros virus, la deriva genética que presenta es superior (cambia más rápidamente). Podría deberse a una mayor capacidad de replicación y a una mayor incidencia en la población, pero no a una mayor capacidad de mutación.

4. Se detectan nuevos recombinantes (alrededor del 12% de los genomas secuenciados), tanto virus “Rosalia” que incluyen partes de otros virus como virus “autóctonos” que incluyen partes de la cepa “Rosalia”. Su impacto a nivel de virulencia se desconoce. A nivel de caracterización por secuenciación puede ser relevante.

Agradecimientos



**Servicios técnicos veterinarios
de empresas del sector**



Equipo



- Alberto Allepuz Palau
- Martí Cortey Marquès
- Gerard E. Martín Valls
- Enric Mateu de Antonio
- Montserrat Tello Bretcha

¡Muchas gracias por vuestra atención!