

DISTRIBUCIÓN DO HERPESVIRUS BOVINO TIPO 2 (BoHV-2) NO GANDO VACÚN GALEGO (AC2021C-3)

O proxecto xerou información de tipo epidemiolóxico sobre a distribución do herpesvirus bovino tipo 2 en Galicia.

A prevalencia por explotación é dun 34 %, cunha prevalencia individual aproximada do 7 %. En canto á distribución xeográfica, a prevalencia por provincia é diferente. A maior porcentaxe de granxas positivas atópanse na Coruña e en Ourense; son granxas de carne ou mixtas, en extensivo, sen programa sanitario ou nas categorías inferiores con respecto o status de IBR.

- Seroprevalencia intrarrebaño: a seroprevalencia media intrarrebaño nas 292 granxas positivas foi do 27,48 %, pero existen diferenzas significativas en todas as variables baixo estudo (provincia, cualificación zootécnica, sistema produtivo, capacidade produtiva, aplicación do programa de ADSG, cualificación sanitaria con respecto á IBR), agás no tipo de produción, no que as porcentaxes de animais positivos son moi similares entre o manexo convencional e o ecolóxico.
- Seroprevalencia individual: a maior parte dos animais non negativos sitúanse entre os animais de maior idade, en granxas de carne ou mixtas, en extensivo, con capacidade produtiva do grupo I ou II e coa menor cualificación con respecto á IBR. Isto parece describir granxas de tipo familiar ou menos profesionalizadas. Con respecto á orixe dos animais non negativos, aínda que as porcentaxes de positividade son maiores entre os animais incorporados, non podemos saber o momento nin o lugar en que se infectaron.

A prevalencia é máis alta nos animais de monte que nos que se manteñen en granxas.

A prevalencia de anticorpos fronte ao BovHV-2 na mostraxe realizada sobre animais de intercambio intracomunitario é moi baixa (inferior ao 1 %).

Segundo os resultados dos ELISA realizados, no banco de soros de animais con resposta no ELISA anti-BovHV-2, case o 20 % dos soros son de animais con coinfeccións (BovHV-2+/gE+).

Non se detectou o xenoma do herpesvirus bovino tipo 2 nas mostras enviadas para a súa análise mediante PCR-REA.