

Referencia: BIA03/20-2

Título del proyecto

Prevalencia y distribución de la infección por *Coxiella burnetii* en las explotaciones de pequeños rumiantes de las Islas Baleares

Duración

2 de agosto 2021 - 1 de febrero 2023 (un año + seis meses de prórroga)

Equipo de trabajo

NEIKER-Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario. Departamento de Sanidad Animal:

Ion Iñaki Zendoia
Jesús F. Barandika
Aitor Cevidanes
Ana L. García-Pérez (investigadora principal)

SEMILLA - Serveis de Millora Agrària i Pesquera. Actualmente **IRFAP** (Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears) – Laboratorio de Sanidad Animal - Departamento de Sanidad Animal de IRFAP

Dulce Ferrer
Cristina Ramos
Roberto Vera
Tomeu Martí
Antonia Pujol

Actividades más destacadas por objetivo

Objetivo 1. Estudiar la prevalencia y distribución de *Coxiella burnetii* en las explotaciones ovinas y caprinas de las Islas Baleares

Este objetivo ha pretendido conocer la situación actual de la infección por *Coxiella burnetii*, bacteria causante de la fiebre Q, en los rumiantes domésticos de las Islas Baleares, por lo que en este proyecto se ha desarrollado un estudio epidemiológico sobre la fiebre Q en rebaños ovinos y caprinos. Para ello se han tomado muestras de polvo en las cuadras, en zonas próximas a las áreas de paridera, para la detección mediante PCR de ADN de *C. burnetii*. Se realizó una selección de los rebaños a investigar de forma que estuvieran reflejados los distintos tipos de

explotaciones (carne y leche), especies (ovino, caprino) y los diferentes tamaños (<50 animales; 50-100 animales; >100 animales). La selección fue proporcional en cada isla en función de los censos, tanto para la especie ovina como caprina.

Tras obtener el consentimiento escrito/verbal por parte de los ganaderos, se tomaron las muestras de polvo. Para la toma de muestras se contó con veterinarios de los equipos de saneamiento y del personal veterinario del IRFAP. Se realizó un breve cuestionario en las explotaciones, relativo a las especies de rumiantes presentes, censos, fecha media de partos, problemas de abortos (año/s), gestión de fetos y placentas, vacunaciones, presencia de garrapatas, contacto con fauna silvestre, compra de animales, contacto habitual con otros rebaños, uso de pastos de sierra, gestión del estiércol, uso de ropa y calzado exclusivo para el trabajo en cuadra, recepción de visitas y/o grupos, características de la cuadra (edad, ventilación), origen del agua, etc. Se tomaron también las referencias geográficas y se documentaron las áreas donde los animales realizaban pastoreo.

De las 4000 explotaciones de pequeños rumiantes existentes en las cuatro islas, se han tomado muestras de polvo en 249 explotaciones, lo que representa un 6,2% del total de rebaños. Los muestreos han tenido lugar entre el 21 de noviembre de 2021 hasta el 30 de septiembre de 2022.

Del total de rebaños analizados, 165 estaban localizados en la isla de Mallorca, 36 en Menorca, 34 en Ibiza y 14 en Formentera. En la **Tabla 1** aparece resumido las explotaciones analizadas en cada isla, y el tipo de rebaños en los que se ha realizado el estudio.

Tabla 1. Distribución de los rebaños analizados según la zona geográfica y el tipo de explotación.

Isla	N	Tipo de rebaño		
		Ovino	Caprino	Mixto
Mallorca	165	140	5	20
Menorca	36	30	3	3
Ibiza	34	20	6	8
Formentera	14	10	3	1
Total	249	200	17	32

En cada explotación se intentó tomar al menos un gramo de polvo en un contenedor estéril, tomando dicha muestra en diferentes superficies de las instalaciones próximas a las zonas de partos (repisas de ventanas, puertas, etc.) en aquellos lugares donde había polvo acumulado.

Las muestras de polvo se han analizado mediante PCR a tiempo real (Schets et al., 2013) para la detección de ADN de *C. burnetii*, previa extracción del ADN de la muestra mediante un kit comercial (NZY Tissue gDNA Isolation kit, NZYTech). Una muestra de polvo se ha considerado positiva a *C. burnetii* cuando el Ct obtenido en PCR a tiempo real ha sido <40.

Los resultados de la distribución de *C. burnetii* en los rebaños de las islas aparecen resumidos en la **Tabla 2**. A nivel general la prevalencia de *C. burnetii* en las explotaciones analizadas ha sido elevada (72,7%), siendo la isla de Mallorca la que ha mostrado un mayor porcentaje de rebaños positivos a la presencia de ADN de *C. burnetii* en las muestras ambientales (86,1%), seguida de la isla de Menorca (75,0%), Ibiza (32,4%) y Formentera (7,1%). Esta última muestra la mejor situación en lo que se refiere a la distribución de *C. burnetii* en los rebaños. Respecto al tipo de

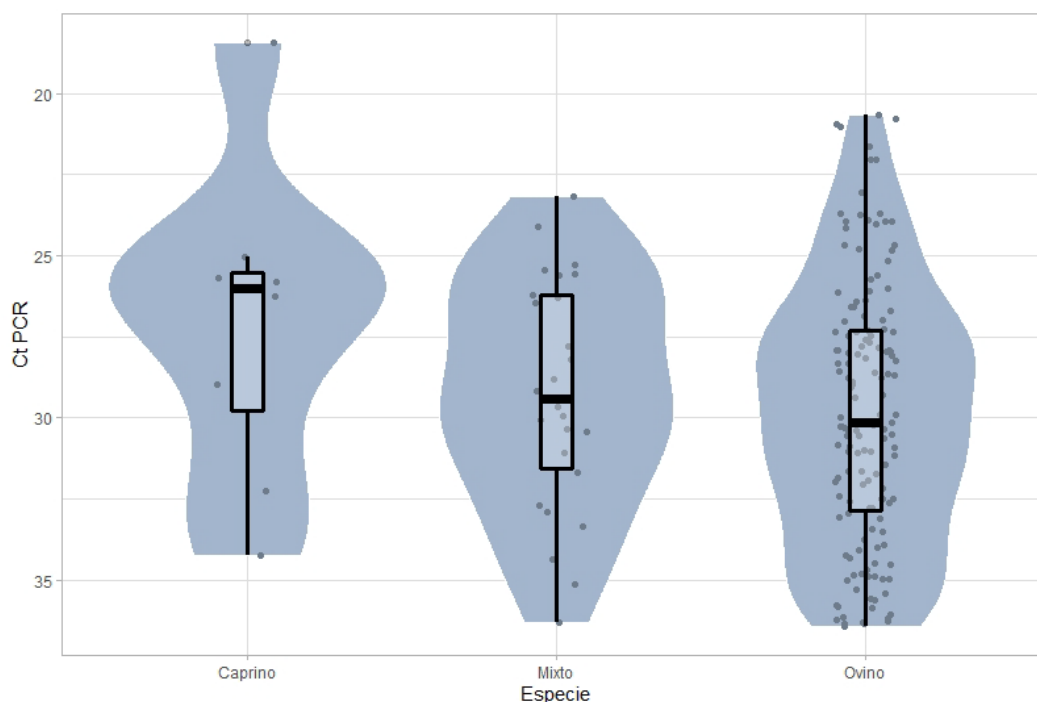
rebaño, los rebaños mixtos formados por ovejas y cabras son los que han mostrado una mayor prevalencia de *C. burnetii* en el polvo ambiental, en comparación con los rebaños exclusivamente compuestos por ovejas o cabras (**Tabla 2**).

Tabla 2. Prevalencia de *C. burnetii* en las muestras de polvo tomadas en explotaciones de pequeños rumiantes en las cuatro islas.

Isla	TOTAL	Ovino	Caprino	Mixtos
	Positivos/ analizados (%)	Pos/ analizados (%)	Pos/ analizados (%)	Pos/ analizados (%)
Mallorca	142/ 165 (86,1)	119/ 140 (85,0)	4/ 5 (80,0)	19/ 20 (95,0)
Menorca	27/ 36 (75,0)	24/ 30 (80,0)	2/ 3 (66,7)	1/ 3 (33,3)
Ibiza	11/ 34 (32,4)	4/ 20 (20,0)	1/ 6 (16,7)	6/ 8 (75,0)
Formentera	1/ 14 (7,1)	0/ 10 (0,0)	1/ 3 (33,3)	0/1 (0,0)
Total	181/ 249 (72,7)	147/ 200 (73,5)	8/ 17 (47,1)	26/ 32 (81,3)

Los Ct obtenidos en PCR a tiempo real han estado comprendidos entre 18,4 y 36,4. Un menor valor de Ct equivale a mayor carga ambiental de *C. burnetii*. Los rebaños ovinos han mostrado valores de Ct entre 20,7 - 36,4 (Ct promedio 29,8). Los rebaños caprinos entre 18,4 - 34,2 (Ct promedio 27,1) y los rebaños mixtos entre 23,2 - 36,3 (Ct promedio 29,2) (**Figura 1**). Tomando en conjunto los resultados, se observa que en los rebaños caprinos aun a pesar de tener la menor prevalencia de *C. burnetii* (47,1%), la carga ambiental media ha sido ligeramente mayor.

Figura 1 Gráfica de boxplot de los Ct obtenidos en PCR a tiempo real, en función del tipo de rebaño.



Los resultados de PCR a tiempo real se han representado en un mapa realizado con el software QGIS, donde figuran las localizaciones geográficas de los rebaños analizados. Con gradación de colores se aprecia la presencia de ADN de *C. burnetii* en cada rebaño, así como la estimación de la carga bacteriana, en función del Ct obtenido en PCR a tiempo real. Con símbolos se detalla el tipo de rebaño, las explotaciones ovinas se han representado con un círculo, las explotaciones caprinas con un triángulo y las mixtas mediante un rombo (**Figuras 2-5**).

Figura 2. Distribución espacial y representación gráfica de los rebaños analizados en función de los Ct obtenidos de la muestra de polvo y tipo de rebaño de la isla de Mallorca

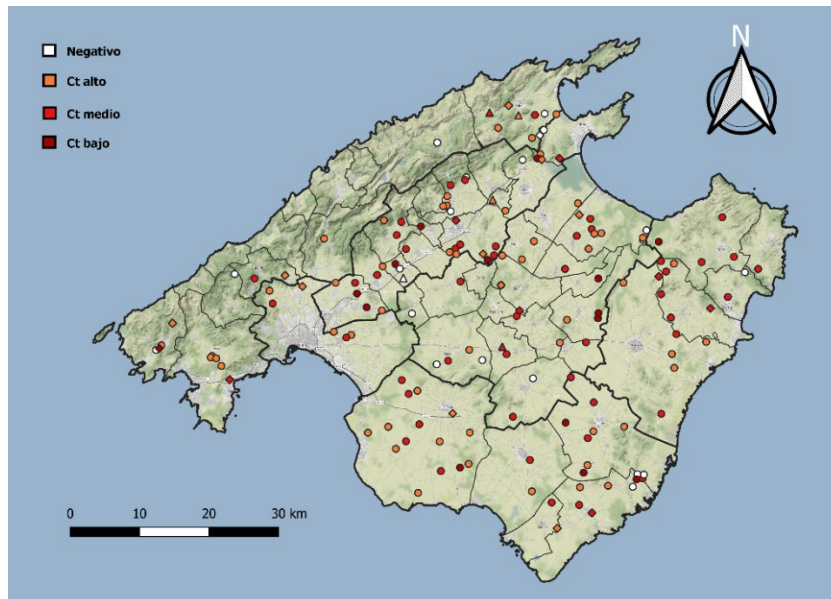


Figura 3. Distribución espacial y representación gráfica de los rebaños analizados en función de los Ct obtenidos de la muestra de polvo y tipo de rebaño de la isla de Menorca

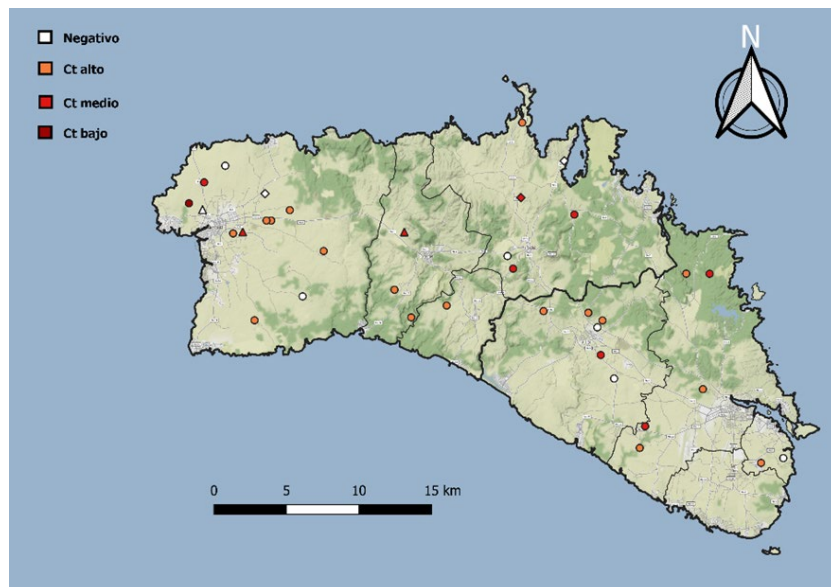


Figura 4 Distribución espacial y representación gráfica de los rebaños analizados en función de los Ct obtenidos de la muestra de polvo y tipo de rebaño de la isla de Ibiza

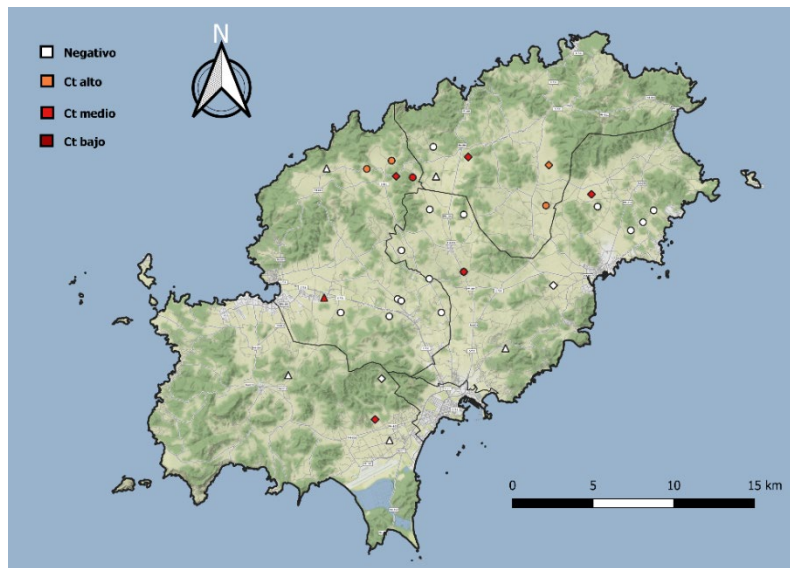
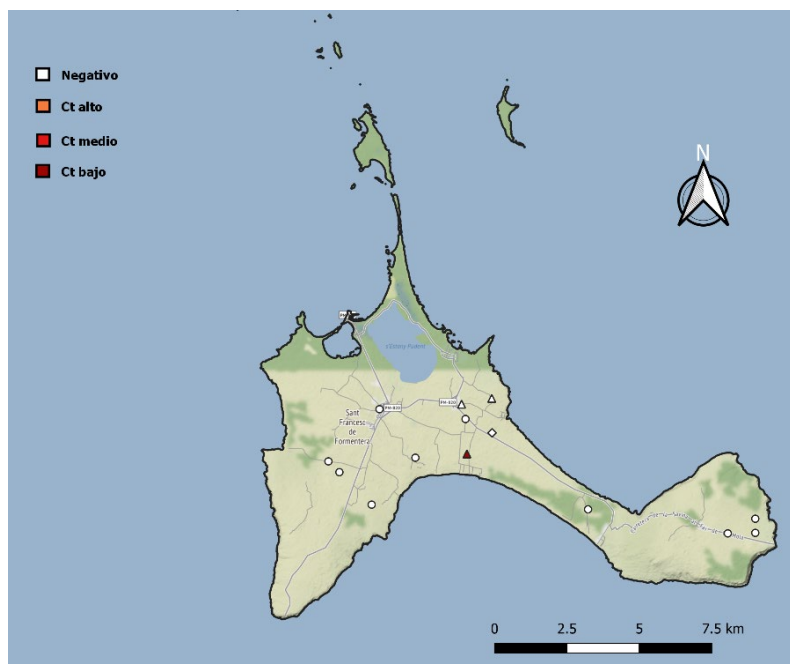


Figura 5. Distribución espacial y representación gráfica de los rebaños analizados en función de los Ct obtenidos de la muestra de polvo y tipo de rebaño de la isla de Formentera



La posible influencia de los factores que pueden afectar a la presencia de *C. burnetii* en el ambiente de la cuadra se ha analizado mediante análisis univariante, mediante chi-cuadrado o Fisher (en caso de tener pocos datos en algún grupo). Tanto en las variables de territorio: islas (categórico; Formentera, Ibiza, Mallorca y Menorca) y comarcas (categórico; Ciutadella, Formentera, Ibiza, Llevant, Mao, Migjorn, Palma, Es Pla de Mallorca, Raiguer y Serra de Tramuntana), se han detectado diferencias significativas ($p < 0,05$). Con el resto de las variables (bioseguridad, manejo, etc.) se ha realizado una selección de rebaños a incluir en el análisis, en

función de la cantidad de respuestas obtenidas en la encuesta, eliminando aquellos con pocas respuestas, y aquellas variables que no tuvieron diferencias significativas en el análisis univariante. Posteriormente, se ha realizado un análisis de regresión logística con los datos obtenidos de 223 explotaciones, incluyendo las variables seleccionadas: el tipo de rebaño (categórico; ovejas, cabras, mixto), el censo (categórico; <50, 50-100, >100), contacto con fauna silvestre (categórico; sí/no), padecimiento de abortos recientemente (categórico; sí/no), uso exclusivo de ropa específica en las instalaciones de los animales (categórico; sí/no), calidad de la ventilación (categórica; buena/pobre) y uso de cama de paja (categórica; sí/no). El modelo final se seleccionó como aquel con el valor más bajo del Criterio de Información de Akaike (AIC) de entre todos los modelos realizados. Todos los análisis estadísticos se han realizado con el software estadístico R (R Core Team, 2019).

Los resultados indican que, las explotaciones de pequeños rumiantes de las Islas Baleares con un censo mayor a 100 animales, dónde usan ropa exclusiva con el ganado (explotaciones más profesionales), que tienen una ventilación pobre y sin contacto con especies silvestres, se asocian con un mayor riesgo de detección de ADN de *C. burnetii* en el ambiente (**Tabla 3**). El resto de las variables analizadas e incluidas en el cuestionario no representaron un riesgo significativo para la detección de ADN de *C. burnetii*, como por ejemplo el padecimiento de abortos en los últimos años.

Tabla 3. Mejor modelo de regresión logística obtenida con algunas variables.

	Estimado	Valor Z	P (> t)	OR (95IC)
Presencia de abortos				
No (Ref.)	-	-	-	-
Si	-1,028	-1,506	0,132	0,36 (0,09-1,35)
Censo del rebaño				
>100 (Ref.)	-	-	-	-
50-100	-1,862	-2,878	0,004	0,16 (0,04-0,52)
<50	-1,982	-3,520	0,002	0,14 (0,04-0,38)
Uso ropa exclusiva				
No (Ref.)	-	-	-	-
Si	0,881	1,969	0,049	2,41 (1,04-6,11)
Contacto con animales silvestres				
No (Ref.)	-	-	-	-
Si	-1,244	-3,094	0,002	0,29 (0,13-0,63)
Ventilación de la cuadra				
Buena (ref.)	-	-	-	-
Pobre	0,982	2,223	0,026	2,67 (1,17-6,67)

Objetivo 2. Identificar los genotipos de *C. burnetii* presentes en las explotaciones de pequeños rumiantes, e identificación de los genotipos causantes de abortos.

Como se necesita una alta carga bacteriana de *C. burnetii* para poder conocer el genotipo, se pueden hacer cultivos de las muestras problema en líneas celulares Vero para multiplicar *C. burnetii*, y también se pueden inocular las muestras problema en modelo animal utilizando ratones de sensibilidad intermedia (BALB/c). En este proyecto se han utilizado ambos métodos. En total se han analizado muestras de 103 rebaños mediante la técnica Single-Nucleotide-Polymorphism Genotyping (SNP) siguiendo el protocolo de Huijsmans et al. (2011). Del total de muestras estudiadas, se obtuvieron resultados de genotipos SNP completos en 65 rebaños, genotipos incompletos en 29 y no concluyentes en 9. El genotipo más frecuente fue el SNP-6 (92,3%, 60/65), seguido del SNP-4, que solo se detectó en 5 explotaciones (7,7%, 5/65). El mayor número de muestras procedía de Mallorca (72,3%), seguida de Menorca (15,4%), Ibiza (10,8%) y Formentera (1,5%) (**Tabla 4**).

Las muestras analizadas han procedido mayormente de rebaños ovinos (n=49), y en menor número de rebaños mixtos (n=12) y caprinos (n=4).

Tabla 4. Distribución de los genotipos SNP en las diferentes islas en función del tipo de rebaño.

Isla	Ovino		Caprino		Mixto	
	SNP-6	SNP-4	SNP-6	SNP-4	SNP-6	SNP-4
Mallorca	36	3	1		6	1
Menorca	8		1		1	
Ibiza	1	1	1		4	
Formentera			1			
Total	45	4	4	0	11	1

Los genotipos SNP-6 y SNP-4 se han identificado en los rebaños ovinos y mixtos, mientras que en los rebaños caprinos solo se ha identificado el SNP-6. No obstante el número de muestras analizadas ha sido escaso en el caso del ganado caprino.

Según los datos de las explotaciones que han facilitado las encuestas, 12 rebaños reportaron abortos en el periodo 2018-2022. Se consiguió saber el genotipo en el rebaño con abortos más recientes (2022), y que había tenido un Ct = 25 en la PCR de polvo, correspondiendo al SNP-6. Se ha tratado de un rebaño caprino de raza murciana con 167 cabezas.

Una selección de muestras con SNP-6, SNP-4, y muestras con perfil incompleto, se están analizando en estos momentos por la técnica Multispacer Sequence Typing (MST), siguiendo el protocolo de Glazunova et al. (2005) que consiste en la realización de varias PCR y en la secuenciación de los amplicones obtenidos.

Objetivo 3. Evaluar la validez del análisis de muestras ambientales del interior de las explotaciones para identificar el estatus de infección de las explotaciones.

Hemos investigado la relación entre la presencia de *C. burnetii* en muestras ambientales y la exposición de los animales a la infección, expresada como presencia/ausencia de anticuerpos. Así, la presencia de anticuerpos y unos valores de Ct bajos en las muestras de polvo ambiental indicarían que el rebaño ha padecido recientemente fiebre Q. Las muestras de suero se tomaron en la misma visita a los rebaños en la que se tomaban las muestras de polvo. En el laboratorio de IRFAP se procedía a centrifugar las sangres, y a tomar alícuotas de 1,5 ml de suero que se mantenían en congelación hasta su estudio serológico.

Una vez finalizados los análisis de PCR se establecieron 4 categorías de rebaños: 1) explotaciones negativas a *C. burnetii*; 2) explotaciones con alta carga bacteriana en polvo ($Ct \leq 24$); 3) explotaciones con carga bacteriana moderada ($Ct >24$ y <30); 4) explotaciones con baja carga bacteriana ($Ct \geq 30$). Se intentó seleccionar 10 explotaciones ovinas y 10 caprinas en cada categoría, pero no se cumplían los requisitos para cada tipo de rebaño. Finalmente se seleccionaron 46 rebaños ovinos, 16 caprinos y 18 mixtos, lo que hace un total de 80 rebaños.

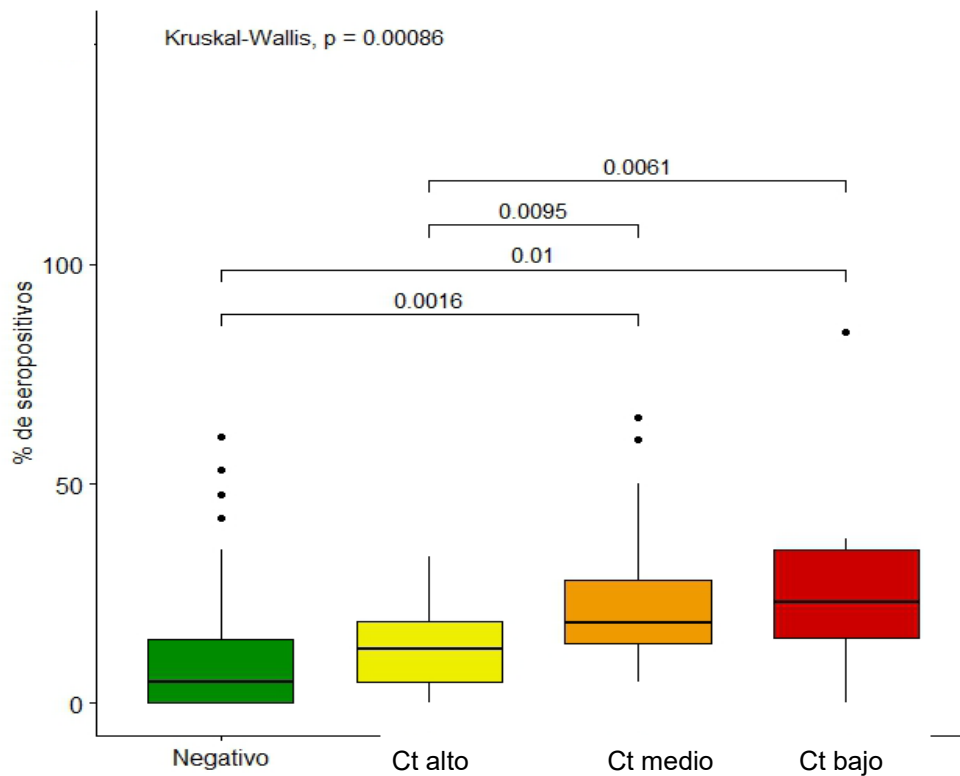
De cada rebaño se han analizado, en general y salvo excepciones, un máximo de 10 sueros de animales de primer parto (primaldas) y 10 animales de más de un parto, lo que ha resultado en el análisis de 1611 sueros mediante un kit de ELISA comercial (Q fever Ab IDEXX) de acuerdo con las instrucciones del fabricante, calificando los resultados de los sueros en negativos, dudosos o positivos, en función de la densidad óptica obtenida.

En la **Tabla 5** se resumen los resultados de seroprevalencia en función de los hallazgos obtenidos en polvo y según el tipo de rebaño. Llama la atención que en los rebaños en los que no se había detectado ADN de *C. burnetii* se ha hallado una seroprevalencia media del 16%. La explicación a este resultado podría encontrarse en la dificultad que se ha tenido a lo largo del estudio en la toma de muestras de polvo en algunos rebaños, ya que carecían de instalaciones convencionales, lo que ha llevado a tomar muestras en aquellas zonas donde existía polvo, a pesar de estar al aire libre, por ejemplo. En el resto de rebaños con ADN de *C. burnetii* en polvo, los resultados son concordantes, ya que a mayor cantidad de *C. burnetii* en el polvo, la seroprevalencia ha sido mayor, y viceversa. Esto queda bien reflejado en la **Figura 6**, en la que se observan las diferencias significativas entre los diferentes niveles. Así las explotaciones con Ct bajo, indicativo de una mayor carga bacteriana en polvo, han tenido una seroprevalencia media del 34%. En este grupo destaca el único rebaño caprino analizado, con un 90,6% de animales con anticuerpos frente a *C. burnetii*. Los rebaños con cargas moderadas en polvo han mostrado una seroprevalencia de 28%, y los de cargas bajas, 14.8%.

Tabla 5. Resultados de seroprevalencia en función de los resultados de PCR en polvo ambiental, y tipo de rebaño

Categoría <i>C. burnetii</i> en polvo	Tipo rebaño	Nº rebaños	Nº animales analizados	ELISA			
				Positivos + dudosos	%	Negativos	%
Negativo	Ovino	13	303	54	17,8	249	82,2
	Caprino	7	84	12	14,3	72	85,7
	Mixto	4	87	10	11,5	77	88,5
	total	24	474	76	16,0	398	84,0
Ct bajo	Ovino	11	221	60	27,1	161	72,9
	Caprino	1	32	29	90,6	3	9,4
	Mixto	2	56	16	28,6	40	71,4
	total	14	309	105	34,0	204	66,0
Ct medio	Ovino	11	213	54	25,4	159	74,6
	Caprino	5	80	26	32,5	54	67,5
	Mixto	5	136	40	29,4	96	70,6
	total	21	429	120	28,0	309	72,0
Ct alto	Ovino	11	212	36	17,0	176	83,0
	Caprino	3	47	9	19,1	38	80,9
	Mixto	7	140	14	10,0	126	90,0
	total	21	399	59	14,8	340	85,2

Figura 6. Relación entre la seroprevalencia frente a *C. burnetii* y la carga bacteriana detectada en el polvo ambiental



Del total de sueros analizados (n = 1611), 1239 han correspondido a la especie ovina y 372 a la especie caprina. Analizando la seroprevalencia para cada especie, el ganado caprino ha mostrado una seroprevalencia media superior a la del ganado ovino (29,8% vs. 20,1% respectivamente) (**Tabla 6**). Nueve rebaños mostraron seroprevalencia $\geq 50\%$ (4 rebaños caprinos, 4 ovinos y 1 mixto), pero los rebaños caprinos tuvieron una seroprevalencia media más alta (72%) que los ovinos (57%) o el rebaño mixto (52%). Por edades, las primaras (nacidas en 2020-2021) mostraron un 14,4% de seroprevalencia (79/550), mientras que las adultas mostraron una prevalencia del 26,8% (272/1016).

Tabla 6. Seroprevalencia en función de la especie.

Especie	Total	ELISA	
		Positivos y dudosos (%)	Negativo (%)
Ovina	1239	249 (20,1)	990 (79,9)
Caprina	372	111 (29,8)	261 (70,2)
total	1611	360 (22,3)	1251 (77,7)

Resultados y conclusiones más importantes

El análisis por PCR de las muestras de polvo ambiental para detectar ADN de *C. burnetii* ha mostrado la amplia distribución de *C. burnetii* en rebaños de pequeños rumiantes de las Islas Baleares. El muestreo de polvo no requiere de la manipulación de animales, es fácil de realizar y proporciona información sobre la exposición a la infección, y además, la PCR en tiempo real permite estimar la carga bacteriana. Por ello, el categorizar el estado de infección de la granja (infección reciente vs. pasada) basándose en la estimación por PCR en tiempo real de la carga de *C. burnetii* en muestras de polvo puede ser una herramienta de cribado útil antes de implementar estudios adicionales. En un estudio reciente se observó una asociación significativa entre la abundancia de *C. burnetii* en el polvo y la aparición de abortos (Carrié et al. 2019). Sin embargo, en este estudio, no se ha encontrado ninguna asociación significativa entre *C. burnetii* en el polvo y la presencia de abortos, pero el rebaño con abortos más recientes (año 2022) ha mostrado una carga significativa de *C. burnetii* en el polvo ambiental (Ct 25), lo que apoya el interés de esta estrategia de muestreo.

Tanto las cabras como las ovejas se consideran los principales reservorios de *C. burnetii*, y la mayoría de los brotes humanos de fiebre Q están asociados a pequeños rumiantes (EFSA 2010; van den Brom et al. 2015). El análisis de regresión logística realizado aquí no reveló riesgo significativo asociado a un tipo de rebaño, sin embargo, el ganado caprino mostró las cargas bacterianas más altas en polvo y una seroprevalencia media más alta.

Por otro lado, el análisis de regresión logística mostró que cuanto mayor era el tamaño del rebaño mayor es la probabilidad de detectar ADN de *C. burnetii* en el polvo ambiental. En este sentido, Carrié et al. (2019) también describieron una correlación entre la contaminación ambiental por *C. burnetii* y el número de hembras reproductoras en el rebaño.

En rebaños profesionales más grandes, el comercio de animales también se ha identificado como un factor de riesgo para la infección por *C. burnetii* (Wolf et al. 2020), aunque en este estudio la compra de animales no se asoció significativamente a una mayor presencia de ADN de *C. burnetii*. El contacto con otros rebaños se ha descrito también como un factor que contribuye a la propagación de la fiebre Q entre rebaños (Rizzo et al. 2016), sin embargo, los resultados de este estudio no parecen apuntar a una asociación significativa de la infección con el sistema de explotación. Entre las características de las instalaciones de la granja, la mala ventilación ha mostrado un mayor riesgo de infección (OR más alto). También la utilización de ropa con uso exclusivo dentro de las instalaciones animales ha mostrado ser un factor de riesgo, sin embargo, esto parece estar ligado a la profesionalización de los ganaderos que tienen rebaños con un mayor número de cabezas, tal y como se ha observado en este trabajo.

La distribución espacial de los resultados de PCR en un mapa ha mostrado gráficamente la distribución de *C. burnetii* en las distintas islas, llama la atención la situación en la isla de Mallorca, en la que se han detectado el mayor número de rebaños con Ct bajos en polvo, indicativos de mayor carga bacteriana. En Formentera, se ha analizado un menor número de rebaños, y el único rebaño positivo es un rebaño caprino con un Ct bajo en polvo. En este caso sería de interés hacer un seguimiento, para evitar que otros rebaños próximos adquieran la infección por *C. burnetii*.

La investigación de los genotipos de *C. burnetii* presentes en el polvo ambiental identificó el SNP6 como el genotipo predominante en las explotaciones ovinas y caprinas de Baleares. Es interesante, ya que, por ejemplo, en el País Vasco, el genotipo SNP6 se ha detectado únicamente en cabras, pero no en rebaños de ovejas, donde predomina el SNP-8 (Zendoia et al., 2021). Sería interesante conocer los genotipos que causan enfermedad en las Islas Baleares. En un estudio de 87 casos humanos de fiebre Q realizado en Mallorca (Raya Cruz et al., 2014) se diagnosticó neumonía en el 44.8% de los pacientes, fiebre en el 24.1%, y hepatitis aguda en el 25.6% de los casos. Los resultados apuntan que el genotipo más frecuente en los pequeños rumiantes de las Islas Baleares (SNP-6) podría ser el causante del perfil clínico mencionado, con neumonía como principal síntoma.

Los resultados de seroprevalencia, aunque hay que analizarlos en más detalle (por edades, y por especie animal), muestran una asociación significativa entre carga bacteriana en polvo y una mayor seroprevalencia. Así Ct bajos o medios en polvo ambiental y una seroprevalencia media superior al 25-30% puede indicar que en la explotación ha habido un problema reciente de fiebre Q. En la explotación con problemas de abortos en 2022, se tomaron muestras de suero a 4 cabras en el momento de los abortos y los cuatro animales mostraron presencia de anticuerpos, en concordancia con la alta carga de *C. burnetii* (Ct 25) en el polvo ambiental.

En conclusión, este estudio demostró la relevancia del muestreo de polvo y sueros en explotaciones ganaderas puede ayudar a identificar rebaños y regiones con alta prevalencia de fiebre Q, definir acciones prioritarias y monitorizar el efecto de las medidas de control. Si se combina con el genotipado molecular y el análisis de la distribución espacial, puede ayudar a identificar las fuentes de contaminación de las explotaciones y rastrear el origen de los brotes humanos (Schimmer et al. 2010). El muestreo ambiental podría tenerse en cuenta en los programas oficiales de vigilancia y control de la fiebre Q.

Otros resultados obtenidos (si es necesario)

Protocolos, divulgación, informes y publicaciones

Se elaborará una publicación científica con los resultados y logros más importantes del proyecto. Se han hecho reuniones vía telemática entre los participantes del proyecto, y se ha invitado a la Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació de las Illes Balears para que estuviera al tanto de los avances, resultados y decisiones que se iban adoptando en el proyecto.

Avances científicos y beneficios esperables

- Con los resultados de este proyecto se dispone de una visión global de la situación de la Fiebre Q en el ganado ovino y caprino de las Islas Baleares, y se han identificado los riesgos de infección asociados al tipo de explotación y al tipo de manejo.
- La caracterización de cepas ha contribuido a conocer la distribución de genotipos de *C. burnetii* en la zona este de España, menos estudiada en este aspecto. El análisis conjunto de los datos de caracterización, entorno medioambiental en el que se hallado cada variante de *C. burnetii* ha proporcionado datos epidemiológicos de gran interés, tanto de la relación hospedador-microorganismo como del ciclo natural de este agente. Todo ello puede contribuir a un mejor control y prevención de la fiebre Q. La identificación de los genotipos implicados también permitirá en el futuro establecer la identificación del reservorio animal origen de los brotes de fiebre Q humana.

Análisis de sostenibilidad económica y medioambiental

NEIKER posee la certificación ISO 9001 ER-1201\2005 para la Gestión de proyectos de I+D y de transferencia tecnológica en agroalimentación [Certificado UNE 9001 – Certificado IQNet] y la certificación IDI-0009/2019 conforme a la Norma UNE 166002:2021 de Sistema de gestión de la I+D+i para las actividades de investigación, desarrollo e innovación en agroalimentación (sectores agrícolas, ganaderos y forestal), y en medio natural [Certificado Gestión I+D+i]. Siguiendo estas directrices, durante la ejecución del proyecto, junto a IRFAP, se han aprovechado al máximo los recursos que tenemos y hemos preservado los recursos cumpliendo los pilares de la sostenibilidad económica.

Durante la ejecución del proyecto NEIKER e IRFAP han asumido los siguientes compromisos ambientales:

- Se han minimizado los impactos sobre el entorno próximo, a partir de la utilización adecuada de buenas prácticas.
- Se ha priorizado la reutilización de materiales disponibles frente a la incorporación de nuevos materiales.
- Se han utilizado productos y materiales pensando en el medio ambiente, optando por los de origen renovable, reciclables, sin sustancias tóxicas.
- Hemos aplicado medidas para minimizar la generación de residuos, reutilizando y realizando una recogida selectiva de los mismos, manteniendo las diferentes fracciones separadas para garantizar la correcta gestión de los residuos generados.

- Para reducir el consumo de papel, todos los documentos de trabajo generados durante el proyecto, y el informe final se han entregado en formato electrónico por correo electrónico.
- En la medida de lo posible se han minimizado los desplazamientos. Así, se ha aprovechado la campaña de saneamiento para realizar las visitas para realizar toma de muestras de polvo, y la encuesta epidemiológica.
- A lo largo del proyecto las reuniones han sido telemáticas.

Desviaciones con respecto a la memoria del proyecto

Estaba previsto tomar muestras en el 10% de rebaños, pero por problemas logísticos e interferencias con los brotes de Lengua azul en Baleares, la toma de muestras se postpuso, y finalmente se ha muestreado en el 6,2%.

Bibliografía

Carrié, P., Barry, S., Rousset, E., de, C.R., Sala, C., Calavas, D., Perrin, J.B., Bronner, A., Gasqui, P., Gilot-Fromont, E., Becker, C.A.M., Gache, K., & Jourdain, E. 2019. Swab cloths as a tool for revealing environmental contamination by Q fever in ruminant farms. *Transboundary and Emerging Diseases*, 66(3), 1202-1209.

EFSA (2010). Scientific Opinion on Q fever. *EFSA Journal*, 8(5), 1595.

Glazunova, O., Roux, V., Freylikman, O., Sekeyova, Z., Fournous, G., Tyczka, J., Tokarevich, N., Kovacava, E., Marrie, T.J., Raoult, D., 2005. *Coxiella burnetii* genotyping. *Emerg. Infect. Dis.* 11, 1211-1217.

Huijsmans, C.J., Schellekens, J.J., Wever, P.C., Toman, R., Savelkoul, P.H., Janse, I., Hermans, M.H., 2011. Single-Nucleotide-Polymorphism genotyping of a *Coxiella burnetii* during a Q fever outbreak in The Netherlands. *Appl. Environ. Microbiol.* 77, 2051-2057.

Raya Cruz M, Gállego Lezaún C, García Gasalla M, Cifuentes Luna C, Forteza Forteza T, Fernández-Baca V, Gallegos Álvarez C, Payeras Cifre A. 2014. Symptomatic acute Q fever: a series of 87 cases in an area of Mallorca (. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 32(4):213-8.

R Core Team, 2019. A language and environment for statistical computing. <https://www.R-project.org/>. 1/18/2021.

Rizzo, F., Vitale, N., Ballardini, M., Borromeo, V., Luzzago, C., Chiavacci, L., & Mandola, M.L. (2016). Q fever seroprevalence and risk factors in sheep and goats in northwest Italy. *Preventive Veterinary Medicine*, 130, 10-17.

Schets, F.M., de Heer, L., de Roda Husman, A.M., 2013. *Coxiella burnetii* in sewage water at sewage water treatment plants in a Q fever epidemic area. *Int. J. Hyg. Environ. Health* 216, 698-702.

Schimmer, B., ter Schegget, R., Wegdam, M., Zuchner, L., de Bruin, A., Schneeberger, P.M., Veenstra, T., Vellema, P., & van der Hoek, W. (2010). The use of a geographic information

system to identify a dairy goat farm as the most likely source of an urban Q-fever outbreak. *BMC Infectious Diseases*, 10, 69.

van den Brom, R., van, E.E., Roest, H.I., van der Hoek, W., & Vellema, P. 2015. *Coxiella burnetii* infections in sheep or goats: an opinionated review. *Veterinary Microbiology*, 181(1-2), 119-129.

Wolf, A., Prufer, T.L., Schoneberg, C., Campe, A., Runge, M., Ganter, M., & Bauer, B.U. 2020. Risk factors for an infection with *Coxiella burnetii* in German sheep flocks. *Epidemiology and Infection*, 148, e260.

Zendoia, I.I., Barandika, J.F., Hurtado, A., López, C.M., Alonso, E., Beraza, X., Ocabo, B., García-Pérez, A.L. 2021. Analysis of environmental dust in goat and sheep farms to assess *Coxiella burnetii* infection in a Q fever endemic area: Geographical distribution, relationship with human cases and genotypes *Zoonoses and Public Health*, 68 (6), pp. 666-676.