

INFORME DEL PROYECTO REF: BIA03/20-2

Financiado por FOGAIBA

Título

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)

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 pequeños 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 producción (carne y leche), especies (ovino, caprino) y los diferentes tamaños de rebaños (<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 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. Predominaron los rebaños ovinos (202) sobre los caprinos (18) o mixtos (29). La toma de muestra de polvo fue realizada por el equipo de veterinarios participantes en las campañas de saneamiento, y previamente a la toma de muestras, recibieron formación de como tomar las muestras, para que se realizara de una forma homogénea. En la mayor parte de las explotaciones se pudo recoger al menos un gramo de polvo en un contenedor estéril, tomando dicha muestra en diferentes superficies de las instalaciones, preferentemente próximas a las zonas de partos, donde había polvo acumulado (repisas de ventanas, puertas, etc.). Sin embargo, en algunas explotaciones de tipo extensivo en que los animales se alojaban en la sierra en instalaciones más rudimentarias, la muestra de polvo recogida fue, en ocasiones, escasa. En las visitas a los rebaños se tomaron muestras de suero. En el laboratorio 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 mediante la técnica ELISA.

Las muestras de polvo se procesaron para extraer ADN mediante un kit comercial (NZY Tissue gDNA Isolation kit, NZYTech). Posteriormente se analizaron mediante PCR a tiempo real (Schets et al., 2013) teniendo como diana el gen IS1111. Una muestra de polvo se consideró positiva a *C. burnetii* cuando el Ct obtenido en PCR a tiempo real fue <40.

Se cuantificó la carga bacteriana de las muestras de polvo positivas a la presencia de ADN de *C. burnetii* mediante PCR cuantitativa a tiempo real (qPCR), basada en la detección del gen de copia única *com1* (de Bruin et al., 2013), expresándose la cuantificación en Equivalentes genómicos de *C. burnetii* /mg polvo (EG/mg polvo). Con los resultados obtenidos, las explotaciones se categorizaron en 4 niveles: 1) explotaciones negativas a la presencia de ADN de *C. burnetii*; 2) explotaciones con alta carga bacteriana en polvo (≥ 1000 EG/mg); 3) explotaciones con carga bacteriana moderada (>100 y <1000 EG/mg polvo); 4) explotaciones con baja carga bacteriana (≤ 100 EG/mg polvo).

Los resultados de la distribución de *C. burnetii* en los rebaños aparecen resumidos en la **Tabla 1**. A nivel general la prevalencia de *C. burnetii* en las explotaciones analizadas ha sido alta (72.7%), sin embargo, únicamente el 6.0% (15/249) de los rebaños alojaba altas cargas de *C. burnetii*

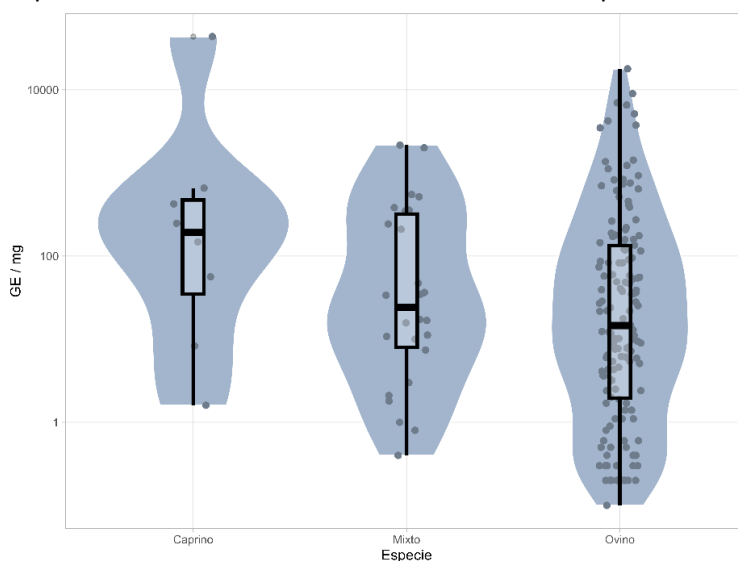
(>1000 GE/mg polvo) en el polvo del interior de las instalaciones animales (**Tabla 1**). En el 16.0% (40/249) se detectaron cargas moderadas (100-1000 GE/mg polvo). Predominaron las explotaciones con cargas bajas de *C. burnetii* (<100 GE/mg polvo) (50.6%, 126/249), de las que el 54.0% tenía menos de <10 GE/mg polvo.

Tabla 1. Distribución de la cantidad de *C. burnetii* detectada en el polvo ambiental en el conjunto de los rebaños y según el tipo de rebaño

EG <i>C. burnetii</i> /mg polvo	N rebaños (%)	N reb ovinos (%)	N reb caprinos (%)	N reb mixtos (%)
>1.000	15 (6.0)	12 (5.9)	1 (5.6)	2 (6.9)
100-1.000	40 (16.0)	30 (14.9)	4 (22.2)	6 (20.7)
<100	126 (50.6)	106 (52.5)	4 (22.2)	16 (55.2)
Negativo	68 (27.3)	54 (26.7)	9 (50.0)	5 (17.2)
Total rebaños	249	202	18	29

Los GE de *C. burnetii* cuantificados en todas las muestras positivas, han estado comprendidos entre <10 GE/mg polvo y 43.700 GE/mg polvo, correspondiendo este valor máximo a un rebaño caprino. El valor máximo detectado en la especie ovina fue de 17.911 GE/mg polvo, y en los rebaños mixtos, de 2.166 GE/mg polvo. Tomando en conjunto los resultados, se observa que en los rebaños caprinos la carga ambiental media ha sido ligeramente mayor (**Figura 1**). Sin embargo, el análisis estadístico mediante la prueba de Kruskal-Wallis (KW $\chi^2 = 3,81$, $p = 0,14$) no detectó diferencias estadísticamente significativas en las cargas bacterianas entre los tipos de rebaño.

Figura 1 Gráfica de boxplot de la carga bacteriana de *C. burnetii* en el polvo ambiental dependiendo del tipo de rebaño.



En la isla de Mallorca se observó un mayor porcentaje de rebaños positivos a la presencia de ADN de *C. burnetii* en las muestras ambientales (86,1%) sin embargo solo un bajo porcentaje de

rebaños mostraron cargas bacterianas >1.000 EG/mg de polvo (8% de los rebaños ovinos y 10% de los rebaños mixtos). Igualmente, en la isla de Menorca (con 75,0% de rebaños con ADN de *C. burnetii*), solo un 3% de los rebaños ovinos mostró cargas >1.000 EG/mg. Ibiza y Formentera mostraron una menor presencia de *C. burnetii* (32,4% y 7,1% respectivamente).

Se analizaron los factores que pueden afectar a la presencia de *C. burnetii* en el ambiente de la cuadra mediante análisis univariante, mediante chi-cuadrado o Fisher (en caso de tener pocos datos en algún grupo). Posteriormente el análisis de regresión logística se ha llevado a cabo con los datos de 223 explotaciones, incluyendo las variables seleccionadas en el análisis univariante: 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 polvo ambiental (**Tabla 2**). 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 2. Mejor modelo de regresión logística obtenido 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.

Para conocer los genotipos de *C. burnetii* presentes en ganado ovino y caprino de las Islas Baleares, se realizó una selección de ADN con cargas bacterianas suficientes (>40EG/mg polvo) para poder aplicar la técnica Single-Nucleotide-Polymorphism Genotyping (SNP) siguiendo el protocolo de Huijsmans et al (2011). En total se han analizado muestras de 103 rebaños. 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 3**). 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 3. 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), correspondiendo al SNP-6. Era un rebaño caprino de raza murciana de 167 cabezas.

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 GE de *C. burnetii* altos 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 (>1.000 EG/mg); 3) explotaciones con carga bacteriana moderada (100-1.000 EG/mg); 4) explotaciones con baja carga bacteriana (<100 EG/mg). 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 48 rebaños ovinos, 14 caprinos y 17 mixtos, lo que hace un total de 79 rebaños.

De cada rebaño se han analizado, en general y salvo excepciones, un máximo de 20 animales, preferiblemente 10 sueros de animales de primer parto (primalas) y 10 animales de más de un parto. Únicamente en 62 de los 79 rebaños se pudo tomar muestras de sangre de animales de primer parto y de más de un parto. En total se han analizado, utilizando un kit de ELISA comercial (Q fever Ab IDEXX), 1.548 sueros, 546 de primalas y 1.002 de hembras adultas.

El 79,7% de los rebaños (63/79) tuvo al menos un animal ELISA seropositivo. La seroprevalencia media fue significativamente mayor en cabras que en ovejas, comparando la seroprevalencia en rebaños de una sola especie (30,7% cabras vs. 20,1% ovejas) ($\chi^2 = 12,09$; $p < 0,05$) y comparando la seroprevalencia de cabras y ovejas dentro de rebaños mixtos (25,2% en cabras vs. 15,8% en ovejas) ($\chi^2 = 4,71$; $p < 0,05$) (**Tabla 4**). El 79,7% de los rebaños de pequeños rumiantes tenían al menos un animal seropositivo (63/79).

Tabla 4. Número de animales examinados mediante ELISA y seroprevalencia obtenida en función de la especie y/o tipo de rebaño

	Nº reb	Nº reb ELISA +	Nº anim analiz.	Nº ovejas ELISA + (%)	Nº cabras ELISA + (%)
Reb ovinos	48	39 (81.3)	924	186 (20.1)	
Reb caprinos	14	10 (71.4)	212		65 (30.7)
Reb mixtos	17	14 (82.4)	265 ov y 147 cap	42 (15.8)	37 (25.2)

En general, se observaron seroprevalencias iguales o superiores al 30% en 20 rebaños (25,3%, 20/79), en 8 de ellos (10,1%, 8/79) alcanzando valores superiores al 50%. Teniendo en cuenta la edad, se observó una seroprevalencia significativamente menor en las primalas (13,7%; 75/546) que en las hembras de más de un parto (25,5%; 255/1002) ($\chi^2 = 28,90$; $p < 0,001$). En 10 de los 62 rebaños (16,1%) en los que se muestrearon tanto primalas como adultas, la seroprevalencia fue superior al 30% en ambos grupos de edad, siendo superior al 50% en cuatro de ellos.

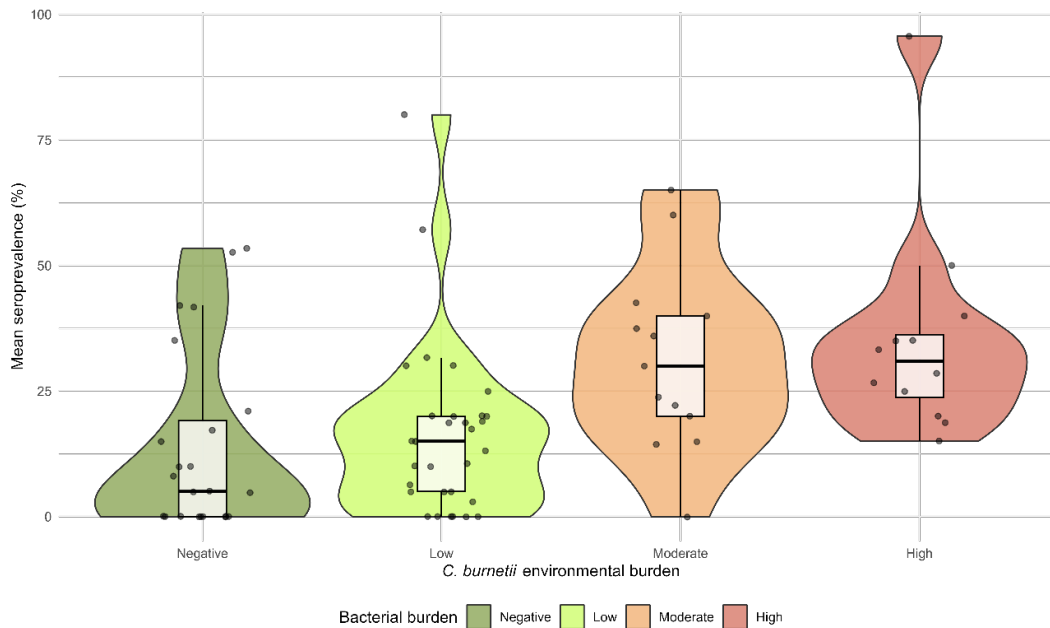
En la **Tabla 5** se resumen los resultados de seroprevalencia según la carga bacteriana en el polvo y el tipo de rebaño. Las granjas con cargas bacterianas altas mostraron la mayor seroprevalencia promedio dentro del lote (35,5%). Aquellos con cargas moderadas mostraron una seroprevalencia media del 32,3%, y aquellos con cargas bajas tuvieron una seroprevalencia media del 14,6%. La seroprevalencia media en lotes negativos fue del 13,1%.

Tabla 5. Seroprevalencia media según carga de *C. burnetii* en polvo ambiental y tipo de rebaño (n=79).

EG <i>C. burnetii</i> /mg polvo	Tipo rebaño	Analizados		Nº animales ELISA + (%)
		Nº flocks	Nº animales	
>1000	Ovino	9	173	51 (29.5)
	Caprino	1	23	22 (95.7)
	Mixto	2	54	16 (29.6)
	total	12	250	89 (35.5)
100 - 1000	Ovino	6	123	40 (32.5)
	Caprino	3	55	19 (34.5)
	Mixto	4	116	36 (31.0)
	total	13	294	95 (32.3)
<100	Ovino	20	346	51 (14.7)
	Caprino	4	52	13 (25.0)
	Mixto	7	155	17 (11.7)
	total	31	553	81 (14.6)
Negative	Ovino	13	282	38 (13.5)
	Caprino	6	82	11 (13.4)
	Mixto	4	87	10 (11.5)
	total	23	451	59 (13.1)

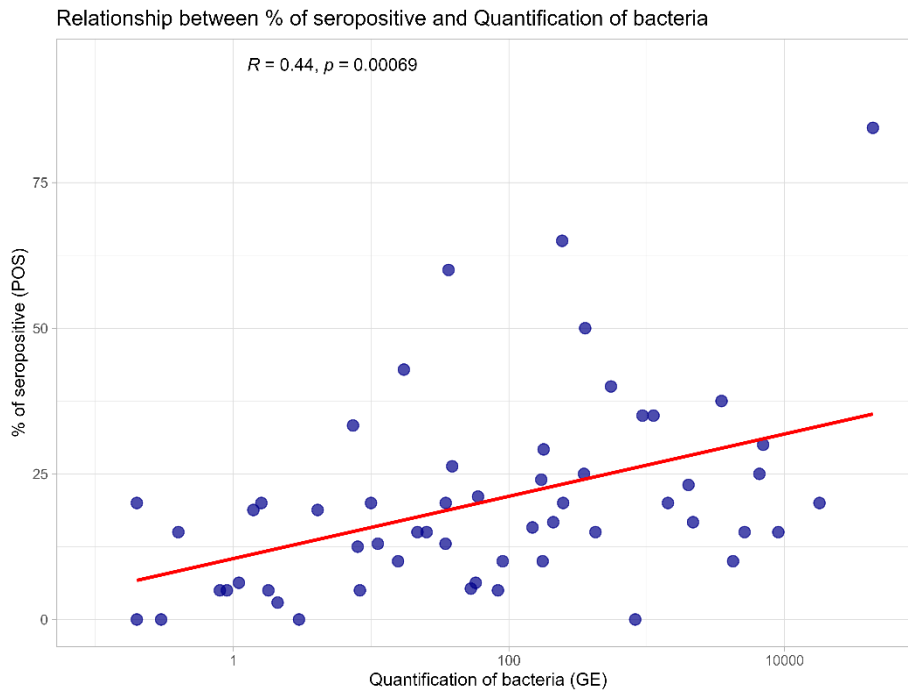
Las pruebas de Kruskal-Wallis revelaron diferencias significativas en la seroprevalencia entre las categorías de carga ambiental de *C. burnetii* (KW $\chi^2 = 18,468$, $p < 0,001$). La comparación post-hoc por pares en la prueba de Dunn demostró que los rebaños con una alta carga de *C. burnetii* en polvo tenían una seroprevalencia significativamente mayor en comparación con los expuestos a cargas bajas ($p = 0.0177$) o negativos ($p = 0.0038$). De igual manera, los rebaños con carga moderada mostraron valores significativamente más altos que los rebaños negativos ($p < 0.05$) y no se encontraron diferencias significativas entre cargas altas y moderadas ni entre cargas bajas y negativas ($p > 0.05$) (**Figura 2**)

Figura 2. Relación entre la seroprevalencia frente a *C. burnetii* y la carga bacteriana detectada en el polvo ambiental



La seroprevalencia media fue más alta tanto en primas como en las adultas en los rebaños con cargas altas o moderadas de *C. burnetii*. La seroprevalencia media dentro del rebaño en hembras adultas en relación con las cargas ambientales de *C. burnetii* reveló diferencias significativas, como mostró la prueba de Kruskal-Wallis ($KW \chi^2 = 15,195$, $p < 0,05$). La prueba post hoc de Dunn indicó que la seroprevalencia era significativamente mayor en los entornos con una carga bacteriana alta en comparación con la carga negativa ($p = 0,005$) o baja ($p = 0,044$). No se observaron diferencias significativas en la seroprevalencia entre cargas altas y moderadas ni entre cargas bajas y moderadas. Por el contrario, la prueba de Kruskal-Wallis no detectó diferencias estadísticamente significativas para las seroprevalencias en primas según las cargas bacterianas ($KW \chi^2 = 7,289$, $p = 0,063$). En general, se observó una correlación positiva y significativa entre la seroprevalencia media del rebaño y la contaminación ambiental por *C. burnetii* ($R=0,44$; $p = 0,00069$) (**Figura 3**)

Figura 3. Correlación entre la seroprevalencia media del rebaño y la carga bacteriana de *C. burnetii* en el polvo ambiental.



Resultados, discusión 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 realizado por Carrié et al. en 2019 se observó una asociación significativa entre la abundancia de *C. burnetii* en el polvo y la aparición de abortos. Sin embargo, en el presente estudio, no se ha encontrado ninguna asociación significativa entre *C. burnetii* en el polvo y la presencia de abortos, aunque el rebaño que presentó abortos más recientes (año 2022) ha mostrado una carga moderada de *C. burnetii* en el polvo ambiental, 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 al tipo de rebaño, sin embargo, el ganado caprino mostró las cargas bacterianas más altas en polvo y una seroprevalencia media significativamente 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 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 Bizkaia (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 ruminantes de las Islas Baleares (SNP-6) podría ser el causante del perfil clínico mencionado, con neumonía como principal síntoma.

Los resultados de seroprevalencia muestran una asociación positiva y significativa con la carga bacteriana en polvo. Así cargas altas o moderadas en el polvo ambiental y una seroprevalencia media superior al 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* en el polvo ambiental.

En conclusión, este estudio demuestra la relevancia del muestreo de polvo y de sueros en explotaciones ganaderas, que 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 explotaciones potencialmente sospechosas 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, pero es una técnica que todavía no está estandarizada para estos fines.

Otros resultados obtenidos (si es necesario)

Protocolos, divulgación, informes y publicaciones

Se ha elaborado una publicación científica con los resultados y logros más importantes del proyecto que está en fase de envío (abril 2025).

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.
- 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.