

Virus de la lengua azul: actualización de la situación en las Américas, el Caribe y Cuba

Bluetongue virus: update on the situation in the Americas, the Caribbean and Cuba



<https://eqrcode.co/a/9IYnfU>

 Ana María Acevedo ^{1*}, Maray Curiel ¹, Damarys Relova ¹, Carmen Laura Perera ¹

¹Grupo de Virología Animal, Dirección de Salud Animal, Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), Apartado 10, CP 32 700, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

RESUMEN: La lengua azul (LA) es una enfermedad que se encuentra en la lista de enfermedades notificables por la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). En las últimas dos décadas, el virus de la lengua azul (VLA) ha ocasionado severos brotes en rumiantes domésticos y silvestres en diversos países ubicados fuera del rango de 40°N y 35°S, debido a la migración de *Culicoides* spp. a latitudes cada vez mayores donde los rumiantes son susceptibles. El cambio climático, impulsado por el calentamiento global, podría contribuir a la propagación del virus sobre esos límites, principalmente mediante la creación de condiciones más adecuadas para la propagación y reproducción de vectores. Esta revisión brinda un resumen sobre algunos datos previamente compilados de los diferentes serotipos del VLA que están presentes en la región de las Américas y el Caribe, determinados por técnicas serológicas o aislamiento viral, así como las especies de vectores involucrados en la transmisión de la enfermedad.

Palabras clave: virus de la lengua azul, América, Caribe, Cuba.

ABSTRACT: Bluetongue has been listed as a notifiable disease by the World Organization for Animal Health (OIE). Over the past two decades, the bluetongue virus has caused severe outbreaks in domestic and wild ruminants in several countries outside the range of 40°N and 35°S due to the migration of *Culicoides* spp. at increasing latitudes where ruminants are susceptible. Climate change, driven by global warming, could contribute to the spread of the virus beyond those limits, mainly through the creation of more suitable conditions for the propagation and reproduction of vectors. This review provides a summary of some previously compiled data of the different BTV serotypes that are present in the Americas and the Caribbean region, specified by serological techniques or viral isolation, as well as vector species involved in disease transmission.

Key words: bluetongue virus, America, Caribbean, Cuba.

INTRODUCCIÓN

La lengua azul (LA) es una enfermedad que afecta principalmente a rumiantes domésticos y silvestres. El causante etiológico de la enfermedad es el virus de la lengua azul (VLA), miembro prototipo del género *Orbivirus* de la familia Reoviridae (1,2).

La transmisión entre hospederos mamíferos se lleva a cabo, principalmente por especies competentes de *Culicoides* (3-5). Existen 28 serotipos distintos de este virus (6-9); el VLA XJ1407 es el serotipo 28 aislado en China en

2014 (9). Además, se han descrito dos posibles nuevos serotipos: uno detectado en una preparación de vacuna contra la viruela ovina (SP) en Israel (10) y una cepa aislada de una alpaca en Sudáfrica (11). Sin embargo, hay muy poca información disponible de estas dos nuevas cepas del VLA; solo se han depositado secuencias parciales del genoma para la vacuna SP (10). La especificidad del serotipo está controlada por las proteínas VP2 y VP5, codificadas por el segmento 2 y el 6, respectivamente (12).

*Autor para la correspondencia: Ana María Acevedo. E-mail: acevedo@censa.edu.cu

Recibido: 06/03/2020

Aceptado: 15/06/2020

Se han identificado dos grupos geográficos de VLA y se han designado como topotipos orientales u occidentales. Estos incluyen virus originarios de Australia y Medio/Lejano Oriente, o África y América, respectivamente (13). Además, las secuencias del Seg 2 y Seg 6 de cepas de referencia de diferentes serotipos del virus son clasificadas como linajes distintos evolutivamente (nucleotipos). En cuanto al Seg 2, se han descrito hasta ahora 12 nucleotipos (A-L) (14,15) y también pueden reflejar relaciones serológicas. En cuanto al Seg 6, se describen 10 nucleotipos (A-J) (15) pero su variación de secuencia no muestra una correlación absoluta con el serotipo.

Recientemente, varias cepas del VLA han comenzado a diseminarse por todo el mundo (2,16,17), incluso a las partes más septentrionales de Europa, en 1998 (18). La expansión y el potencial de susceptibilidad de nuevas especies de vectores al virus suscita inquietudes de una mayor propagación sobre el mismo (19). La región de las Américas y el Caribe no escapa a esta situación y se han realizado algunos estudios que han permitido conocer los serotipos que están circulando (19).

El objetivo de la presente revisión es brindar un resumen sobre algunos datos previamente compilados de los diferentes serotipos del VLA que están presentes en la región de las Américas y el Caribe, determinados por técnicas serológicas o aislamiento viral, así como las especies de vectores involucrados en la transmisión de la enfermedad.

DISTRIBUCIÓN

La distribución del VLA es global, se ha detectado en todos los continentes, excepto en el territorio antártico. Históricamente, la distribución ha sido en climas templados y tropicales de acuerdo con la distribución del vector competente infectivo, específicamente entre las latitudes 40°N y 35°S (20). Sin embargo, estos límites han sido superados en regiones de Asia, Norteamérica y Europa, donde la infección por el VLA se ha detectado hasta los 50°N (16).

La distribución de vectores y serotipos del VLA difiere a través del mundo, de modo que

vectores específicos coexisten con determinadas cepas en ecosistemas relativamente estables.

VECTORES DEL VLA

El género *Culicoides* está compuesto por aproximadamente 1400 especies y comprende 31 subgéneros y 38 grupos sin clasificación (21). Solo 30 especies se han asociado a la transmisión del VLA. Las especies de *Culicoides* se pueden encontrar prácticamente en todas las grandes masas de tierra, con las únicas excepciones de la Antártida, Nueva Zelanda, Islandia y las islas Hawái (22).

El *Culicoides sonorensis* es el principal vector en América del Norte (23). Particularmente en la Florida, el *Culicoides insignis* se encuentra en toda la región del sur, mientras que el *Culicoides sonorensis* es el principal en el resto de los Estados Unidos.

En contraste, en América del Sur existe muy poca información sobre los vectores implicados en la transmisión del VLA, siendo el *Culicoides insignis* el posible vector predominante (24), seguido del *Culicoides pusillus*, que también está presente en el continente Sudamericano (25); además, se señalan como posibles vectores *Culicoides debilpalpis*, *Culicoides paraensis*, *Culicoides furens* y *Culicoides filarifer* (26).

En el Perú se han descrito 31 especies de *Culicoides*, entre ellas el *Culicoides insignis* en Loreto y el *Culicoides pusillus* en Cajamarca y Madre de Dios (27). Recientemente, (28) identificaron *Culicoides insignis* en áreas cercanas a granjas de ovinos seropositivos al VLA en Pucallpa, Ucayali, sugiriendo ser los potenciales vectores involucrados en la transmisión de VLA en este país. En la región de América Central y el Caribe, el *Culicoides insignis* es considerado el vector principal del VLA (29-32).

SEROTIPOS DEL VLA

La distribución global de los 28 serotipos descritos del VLA no es uniforme y en los últimos años ha sufrido cambios drásticos, probablemente como consecuencia del cambio climático global y el movimiento de animales, muchas veces poco regulado (3). Existen varios reportes sobre la presencia de los diferentes serotipos del VLA en América del Norte, Sur, América Central y el Caribe.

SITUACIÓN EN LAS AMÉRICAS Y EL CARIBE

América del Norte

El VLA se aisló por primera vez en los Estados Unidos a principios de la década de 1950. Los serotipos 10, 11, 13 y 17 son endémicos en la región oeste y sur de los Estados Unidos, coincidiendo con la distribución de *C. sonorensis*. El serotipo 2, también endémico, fue previamente restringido al sudeste de los Estados Unidos, correspondiendo con la distribución de *C. insignis*; sin embargo, recientemente este fue detectado en California, indicando translocación y reordenamiento debido a una diseminación viral desconocida (33,34).

Desde 1999, se han aislado 11 serotipos no endémicos no reconocidos previamente. Nueve de los 11 serotipos invasivos se aislaron por primera vez en la Florida (3, 5, 6, 9, 14, 18, 19, 22, 24). Dos serotipos adicionales, el VLA-1, aislado por primera vez en 2004 en Louisiana (35) y el VLA-12, aislado por primera vez en Texas en 2008, se aislaron más tarde en la Florida. Si bien en los Estados Unidos no se realiza una vigilancia activa de los serotipos circulantes del VLA en todas las áreas, los datos disponibles sugieren que la Florida puede ser un punto de entrada común para los serotipos invasivos de este virus. Muchos de los serotipos exóticos continúan siendo esporádicamente aislados solo en la Florida, lo que sugiere que su persistencia se debe a la presencia de un vector competente de la Florida o que los mismos serotipos se introducen repetidamente y luego se extinguen. En contraste, el VLA-3 se detectó por primera vez en la Florida en 1999 y se aisló repetidamente durante los próximos años. Sin embargo, desde 2006 el VLA-3 ha sido aislado en Mississippi, Arkansas, Dakota del Sur y más recientemente en Texas (36,37).

América del Sur

La información con respecto a la detección del VLA se limita a muy pocos informes. Se han notificado evidencias serológicas de la presencia del virus en todos los países, excepto en Uruguay y Bolivia (38).

Las pocas pruebas serológicas realizadas a principios de la década de 1980 mostraron que el virus estaba presente en toda la región norte de América del Sur (Ecuador, Colombia, Venezuela, Trinidad y Tobago, Guyana, Suriname Guyana Francesa) (39,40). También se detectó en Perú (41,42), en Argentina (43,24), en Brasil (44,45) y en Chile (46). En Colombia se reportó la presencia de los serotipos 1, 6, 12, 14 y 17 (47) y en Brasil los serotipos 4 y 12 (48-50). En Guyana se reportó la presencia de los serotipos 14 y 17; el 6, 14 y 17 en Suriname (51) y en Ecuador el 9,13,18 (45). El VLA solo se ha aislado en Brasil (serotipos 4 y 12) (48,49), Argentina (serotipo 4) y Guyana francesa (serotipos 1, 2, 6, 10, 12, 13, 17 y 24) (52,53).

América Central y el Caribe

Durante la década del 80 se realizaron estudios epidemiológicos y entomológicos en varios países de América Central y el Caribe para determinar la prevalencia e incidencia del VLA y para identificar las especies de *Culicoides* involucradas en la transmisión del virus. Estos estudios condujeron al aislamiento de varios serotipos a partir de animales sin signos clínicos y también de ciertas especies de vectores, demostrando una alta prevalencia de anticuerpos contra el VLA en la región (54).

La tipificación serológica de los aislados permitió identificar los serotipos 1, 3, 4, 6, 8, 12 y 17 como endémicos. Más recientemente, la secuenciación del segmento serotipo específico de los aislados de los años 90 adicionó seis serotipos del VLA (10, 11, 13, 14, 19 y 22) a esta lista (55).

En América Central y el Caribe, e incluso en los Antillas Menores, el VLA está ampliamente diseminado (56-58). Esta región parece ser una fuente de este virus para el resto del continente, sin barreras ecológicas ni geográficas descritas para aislar geográficamente a América central de América del Norte o del Sur (59). De hecho, se ha informado que ni siquiera el mar puede evitar que el virus se propague desde las islas del Caribe hacia el continente americano (60).

Desde principios de la década de 1980 hasta principios de la década de 1990, se detectó el VLA en Guatemala, El Salvador, Honduras, Costa Rica, Nicaragua, Panamá, Trinidad y Tobago, Barbados, Puerto Rico, Jamaica, la isla Marítima francesa, la isla francesa de Guadalupe y República Dominicana (32,58,61). En esta región, los serotipos 1, 3, 4, 6, 8, 11, 12, 14 y 17 fueron detectados por anticuerpos serotipo específico y los serotipos 1, 3, 4, 6, 8, 12 y 17 por aislamiento de virus (32,62-65).

En 1981, Metcalf *et al.* (66) detectaron casi el 80 % de prevalencia en Puerto Rico y las Islas Vírgenes. En la década de 1980, describieron una seroprevalencia general del 70 % en bovinos, 67 % en ovejas y 76 % en cabras, detectada por inmunodifusión en gel de agar (AGID). Estos autores también describieron porcentajes de alta prevalencia en Jamaica (77 %), Antigua (76 %), Santa Lucía (82 %), Barbados (61 %), Granada (88 %) y Trinidad y Tobago (79 %).

En 1992, Mo *et al.* (32) evaluaron y detectaron el VLA en la región y declararon que algunos de los serotipos detectados previamente aún circulaban. Considerando las especies de vectores sospechosas de ser responsables de la transmisión del VLA entre rumiantes, Walton y Osburn (61), Greiner *et al.* (64) y Mo *et al.* (32) aislaron el virus de *Culicoides insignis*, *C. filarifer* y *C. pusillus*. Además, sugirieron que estas tres especies, principalmente *C. insignis*, eran las principales especies involucradas en la transmisión del virus en la región. *C. insignis* es una de las especies más frecuentes encontradas en el sureste de los Estados Unidos, La cuenca del Caribe y América Central y del Sur (58) y, por supuesto, está directamente asociada con la transmisión del VLA entre rumiantes naturales y no rumiantes. Otras especies de *Culicoides* que podrían actuar como vectores en esa región son *C. pusillus*, *C. furens*, *C. filarifer* y *C. trilineatus*.

Es importante tener en cuenta que en el estudio realizado por los equipos regionales e interamericanos de lengua azul desde principios de la década de 1980 hasta principios de la década de 1990, los investigadores pudieron evaluar la dinámica del virus en la región. Thompson *et al.* (60) informaron el cambio de frecuencias en la detección de varios serotipos en la región y describieron una vía de infección para

el VLA-3. Este se detectó por primera vez en Trinidad y Tobago (septiembre de 1987), luego se extendió rápidamente a Jamaica y al continente americano (diciembre de 1987), y se difundió aún más en Panamá (1989). También se aisló más tarde en Honduras, El Salvador y Guatemala. Con respecto al VLA-4, se detectó por primera vez en Trinidad y Tobago en agosto de 1989, y luego se aisló de las muestras tomadas en Puerto Rico y República Dominicana en 1990. También en 1990, se detectaron anticuerpos en Trinidad y Tobago, Barbados, Puerto Rico y República Dominicana. No se habían registrado datos sobre VLA-4 en la región antes de 1986. Además, y en contraste con lo encontrado en la región de América del Norte, Mo *et al.* (32) demostraron que los serotipos detectados en la cuenca del Caribe tenían marcadas diferencias con respecto a los detectados en América del Norte.

Situación en Cuba

Cuba se encuentra en una zona de circulación endémica del VLA (67) y se conoce que existe una alta prevalencia de anticuerpos a este virus. Martínez *et al.* (57) realizaron el primer reporte sobre la presencia de bovinos seroreactores al VLA en Cuba y reportaron una seropositividad de 99,7 % en 1100 animales muestreados; sin embargo, no existen evidencias de manifestaciones clínicas de la enfermedad. Además, se desconocen los serotipos circulantes y las especies de vectores involucrados en la transmisión del virus.

Acevedo *et al.* (68) desarrollaron herramientas diagnósticas para la detección del VLA. Estandarizaron un ensayo de RT-PCR en tiempo real (rRT-PCR) basado en SYBR Green-I, el cual permitió la detección rápida, sensible y específica del genoma del virus en muestras de sangre de un ternero naturalmente infectado (68).

CONCLUSIONES

Este material ofrece una visión general sobre la presencia del VLA en la región de las Américas y el Caribe y constituye una alerta a las autoridades sanitarias de estos países para que se establezcan programas de control y se realice la vigilancia serológica y el seguimiento continuo (monitoreo)

de este agente. Esto debe ser una prioridad permanente dado que existen evidencias serológicas, lo cual confirma la circulación del virus por décadas, además de que se han realizado estudios de caracterización molecular del agente en algunos países.

En el país que se detecten animales seropositivos esto debe constituir una alarma sanitaria, porque tal como lo demuestra la epidemia que ha sufrido Europa, la enfermedad puede ser responsable de importantes pérdidas económicas y tener consecuencias graves para el comercio por las restricciones al movimiento de animales que se establecen cuando se declara un brote.

La evolución genética del virus, debido a reordenamientos o mutaciones, podría resultar en la emergencia de nuevas cepas de campo con posibles nuevos rasgos ecológicos (69,70) y, al igual que nuevos serotipos se han descubierto (7,45), el continente Americano podría ser fuente de nuevos virus con nuevos rasgos biológicos.

En el caso de Cuba, se presenta un ecosistema perfecto para la circulación del VLA. Existen factores ecológicos como la lluvia, la humedad y las características del suelo, que favorecen la supervivencia de los mosquitos (71). Además, existe evidencia documentada sobre la presencia de las especies *Culicoides insignis* y *Culicoides pusillus*, vectores reportados al VLA (72,73). Por otra parte, Cuba es un país tropical donde predominan las altas temperaturas y humedad, esto unido con la peculiar forma alargada y estrecha de la isla, determina la presencia del vector en todo el país y durante todo el año, con un incremento de su población durante la temporada de lluvias.

La detección del VLA en Cuba (68) demuestra que el virus es una amenaza real y alerta a las autoridades competentes de la necesidad de realizar estudios más amplios en rebaños de diferentes regiones del país que permitan la caracterización molecular para conocer el o los serotipos del virus que están circulando. Además, sería importante levantar un mapa sobre la ubicación de las diversas especies de *Culicoides* que circulan, con el fin de conocer la epidemiología y establecer la vigilancia sanitaria, no solo de VLA, sino también de otras enfermedades emergentes transmitidas por mosquitos.

REFERENCIAS

1. Maclachlan NJ, Drew CP, Darpel KE, Worwa G. The pathology and pathogenesis of bluetongue. *J Comparat Pathol.* 2009; 141:1-16.
2. Maclachlan NJ, Mayo CE, Daniels PW, Savini G, Zientara S, Gibbs EP. Bluetongue. *Rev Sci Tech.* 2015;34:329-340.
3. Carpenter S, Wilson A, Mellor PS. Culicoides and the emergence of bluetongue virus in northern Europe. *Trends Microbiol.* 2009;17:172-178.
4. Maclachlan NJ. Bluetongue: History, global epidemiology, and pathogenesis. *Prev Vet Med* 2011;102:107-111.
5. Purse BV, Mellor PS, Rogers DJ, Samuel AR, Mertens PP, Baylis M. Climate change and the recent emergence of bluetongue in Europe. *Nat Rev Microbiol.* 2005;3:171-181.
6. Hofmann MA, Renzullo S, Mader M, Chagnat V, Worwa G, Thuer B. Genetic characterization of toggenburg orbivirus, a new bluetongue virus, from goats, Switzerland. *Emerg. Infect Dis.* 2008;14(12):1855-1861.
7. Maan S, Maan NS, Nomikou K, Batten C, Antony F, Belaganahalli MN, et al. Novel bluetongue virus serotype from Kuwait. *Emerg Infect Dis.* 2011;17(5):886-889.
8. Zientara S, Sailleau C, Viarouge C, Höper D, Beer M, Jenckel M, et al. Novel bluetongue virus in goats, Corsica, France. 2014. *Emerg Infect Dis.* 2014;20(12):2123-2125.
9. Sun EC, Huang LP, Xu QY, Wang HX, Xue XM, Lu P, et al. Emergence of a novel bluetongue virus serotype, China 2014. *Transbound Emerg. Dis.* 2016;63:585-589.
10. Bumbarov V, Golender N, Erster O, Khinich Y. Detection and isolation of Bluetongue virus from commercial vaccine batches. *Vaccine.* 2016;34(28):3317-3323.
11. Wright IM. Serological and genetic characterisation of putative new serotypes of bluetongue virus and epizootic haemorrhagic disease virus isolated from an alpaca. Thesis. North-West University, Potchefstroom, South Africa. 2014; p. 102.

12. Schwartz-Cornil I, Mertens PPC, Contreras V, Hemati B, Pascale F, Bréard E, et al. Bluetongue virus: virology, pathogenesis and immunity. *Vet Res.* 2008. <http://dx.doi.org/10.1051/vetres:2008023>.
13. Maan S, Maan NS, Ross-smith N, Batten CA, Shaw AE, Anthony SJ, et al. Sequence analysis of bluetongue virus serotype 8 from the Netherlands 2006 and comparison to other European strains. *Virology.* 2008; 377(2): 308-318. <http://dx.doi.org/10.1016/j.virol.2008.04.028>.
14. Maan S, Maan NS, Belaganahalli MN, Rao PP, Singh KP, Hemadri D, et al. Full-genome sequencing as a basis for molecular epidemiology studies of bluetongue virus in India. *PLoS One* 2015;10 (6).
15. Schulz C, Breard E, Sailleau C, Jenckel M, Viarouge C, Vitour D, et al. Bluetongue virus serotype 27: detection and characterization of two novel variants in Corsica, France. *J Gen Virol.* 2016;97 (9):2073-2083 <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000557>.
16. Ruder MG, Lysyk TJ, Stallknecht DE, Foil LD, Johnson DJ, Chase CC, et al. Transmission and epidemiology of bluetongue and epizootic hemorrhagic disease in North America: Current perspectives, mresearch gaps, and future directions. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2015;15(6):348-363.
17. McVey DS, MacLachlan NJ. Vaccines for prevention of bluetongue and epizootic hemorrhagic disease in livestock: A North American perspective. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 2015;15:385-396. doi: 10. 1089/vbz.2014.1698 PMID: 26086559.
18. Wilson AJ, Mellor PS. Bluetongue in Europe: past, present and future. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2009;364(1530):2669-2681.
19. Legisa D, Gonzalez F, Dus Santos MJ. Bluetongue virus in South America, Central America and the Caribbean. *Virus Research.* 2014;182:87-94.
20. Coetzee P, Stokstad M, Venter E-H, Myrmel M, van Vuuren M. Bluetongue: a historical and epidemiological perspective with the emphasis on South Africa. *Virol.* J2012;9(1):198.
21. Harrup LE, Bellis GA, Balenghien T, Garros C. *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) taxonomy: Current challenges and future directions. *Infection, Genetics and Evolution.* 2015;30:249-266.
22. Purse BV, Carpenter S, Venter GJ, Bellis G, Mullens BA. Bionomics of temperate and tropical *Culicoides* midges: knowledge gaps and consequences for transmission of *Culicoides*-borne viruses. *Annual Review of Entomology.* 2015;60:373-392.
23. Tabachnick WJ. *Culicoides variipennis* and bluetongue-virus epidemiology in the United States. *Annu Rev Entomol.* 1996;41:23-43.
24. Gorchs C, Lager I. Lengua Azul. Actualización sobre el Agente y la Enfermedad. *Rev Argent Microbiol.* 2001;33(2):122-132.
25. Ronderos MM, Greco NM, Spinelli GR. Diversity of biting midges of the genus *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) in the area of the Yacyreta Dam Lake between Argentina and Paraguay. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2003;98:19-24.
26. Aradaib IE, Mellor PS, Savini G, Wilson WC. Scientific Opinion on Epizootic Hemorrhagic Disease 1 EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW). *European Food Safety Authority.* 2009;7:167.
27. Felipe-Bauer ML, Cáceres AG, Santos da Silva C, Valderrama-Bazan W, Gonzales-Perez A, Martins J. New records of *Culicoides* Latreille (Diptera: Ceratopogonidae) from Peruvian Amazonian region. *Biota Neotropica.* 2008;8(2):33-38.
28. Navarro DA. Identificación de *Culicoides* spp. como vectores del virus Lengua Azul en áreas de ovinos seropositivos de Pucallpa, Ucayali. (Tesis para optar el Grado Académico de Magíster en Ciencias Veterinarias con mención en Salud Animal). Lima, Perú. 2017.
29. Tanya VN, Greiner EC, Gibbs EP. Evaluation of *Culicoides insignis* (Diptera: Ceratopogonidae) as a vector of bluetongue virus. *Vet Microbiol.* 1992;32:1-14.

30. Gibbs EP, Greiner EC. The epidemiology of bluetongue. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 1994;17:207-220.
31. Gibbs EPJ, Homan EJ, Mo CL, Greiner EC, Gonzalez J, et al. Epidemiology of bluetongue viruses in the American tropics. *Ann N Y Acad Sci.* 1992;653:243-250.
32. Mo CL, Thompson LH, Homan EJ, Oviedo MT, Greiner EC, et al. Bluetongue virus isolations from vectors and ruminants in Central America and the Caribbean. Interamerican Bluetongue Team. *Am J Vet Res.* 1994;55:211-215.
33. MacLachlan NJ, Wilson WC, Crossley BM, Mayo CE, Jaspersen DC, et al. Novel serotype of bluetongue virus, western North America. *Emerg Infect Dis.* 2013;9:665-666.
34. Gaudreault NN, Mayo CE, Jaspersen DC, Crossley BM, Breitmeyer RE, et al. Whole genome sequencing and phylogenetic analysis of Bluetongue virus serotype 2 strains isolated in the Americas including a novel strain from the western United States. *J Vet Diagn Invest.* 2014;26:553-557.
35. Johnson DJ, Ostlund EN, Stallknecht DE, Goekjian VH, Jenkins-Moore M, et al. First report of bluetongue virus serotype 1 isolated from a white-tailed deer in the United States. *J Vet Diagn Invest.* 2006;18:398-401.
36. Ostlund EN. Report of the committee on bluetongue and bovine retroviruses. *Proc Annu Meet US Anim Health Assoc.* 2010;114:155-156.
37. Ostlund EN. Report of the committee on bluetongue and bovine retroviruses. *Proc Annu Meet US Anim Health Assoc.* 2015;119:112-116.
38. Deem SL, Noss AJ, Villaroel R, Uhart MM, Karesh WB. Disease survey of free ranging grey brocked deer (*Mazama gouazoubira*) in te Gran Chaco, Bolivia. *Journal of Wildlife Diseases.* 2004;40(1).
39. Homan EJ, Lorbacher de Ruiz H, Donato AP, Taylor WP, Yuill TM. A pre-liminary survey of the epidemiology of bluetongue in Costa Rica and Northern Colombia. *Journal of Hygiene, Cambridge.* 1985;357-363.
40. Lopez WA, Nicoletti P, Gibbs EPJ. Antibody to bluetongue virus in cattle in Ecuador. *Tropical Animal Health and Production.* 1985;17(82):82.
41. Rosadio RH, Evermann JF, DeMartini JC. A preliminary serological survey of viral antibodies in Peruvian sheep. *Vet Microbiol.* 1984;10(1):91-96.
42. Rivera H, Madewell BR, Ameghino E. Serologic survey of viral antibodies in the Peruvian alpaca (*Lama pacos*). *American J Vet Res.* 1987;48(2):189-191.
43. Puntel M, Fondevila NA, Blanco Viera VK, O'ídonnell JF, Marcovecchio JF, Carillo BJ, et al. Serological survey of viral antibodies in llamas (*Llama glama*) in Argentina. *J Vet Med.* 1998;46:157-161.
44. Lage AP, Castro RS, Melo MI, Aguiar PH, Barreto Filho JB, Leite RC. Prevalence of antibodies to bluetongue, bovine herpesvirus 1 and bovine viral diarrhea/mucosal disease viruses in water buffaloes in Minas Gerais State, Brazil. *Rev Elev Med Vet Pays Trop.* 1996;49:195-197.
45. Verdezoto J, Breard E, Viarouge C, Quenault H, Lucas P, Sailleau C, et al. Novel serotype of bluetongue virus in South America and first report of epizootic haemorrhagic disease virus in Ecuador. *Transbound Emerg Dis.* 2017:1-4.
46. Tamayo R, Schoebitz R, Alonso O, Wenzel J. First report of bluetongue antibodies in Chile. In *Bluetongue and Related Orbiviruses.* 1985:555-558. Edited by M. M. J. T. L. Barber & R. Alan. New York: Liss Press.
47. Homan EJ, Taylor WP, Ruiz LD, Yuill TM. Bluetongue virus epizootic haemorrhagic disease of deer virus serotypes in northern Colombian cattle. *J Hygiene, Cambridge.* 1985;95:165-172.
48. Groocock CM, Campbell CH. Isolation of an exotic serotype bluetongue virus from imported cattle in quarantine. *Canadian Journal of Comparative Medicine.* 1982;4:160-164.
49. Clavijo A, Sepulveda L, Riva J, Pessoa Silva M, Tailor Ruthes A, Lopez JW. Isolation of bluetongue virus serotype 12 from an outbreak of the disease in South America. *The Veterinary Record.* 2012;151: 301-302.
50. Martins MSN, Stefano E, Pituco EM, Lima MS, Ribeiro CPR, Nogueira AHC. The detection of antibodies against bluetongue virus in buffalo created in Pará - Brazil. In: Golgher, R.R. (Ed.). *Journal of the Brazilian Society for Virology, Brazil.* 2011.

51. Gumm ID, Taylor WP, Roach CJ, Alexander FCM, Greiner EC, Gibbs EPJ. Serological survey of ruminants in some Caribbean and South American countries for type-specific antibody to bluetongue and epizootic haemorrhagic disease viruses. *The Veterinary Record*. 1984;114(26).
52. Legisa D, Gonzalez F, De Stefano G, Pereda A, Dus Santos MJ. Phylogenetic analysis of bluetongue virus serotype 4 field isolates from Argentina. *The J General Virol*. 2013;94(3):652-662.
53. Viarouge C, Breard E, Zientara S, Vitour D, Sailleau C. Duplex real-time RT-PCR assays for the detection and typing of epizootic haemorrhagic disease virus. *PLoS ONE*. 2015;10: e0132540.
54. Homan EH, Gibbs EPJ, Walker JS, Walton TE, Yuill TM, González J, et al. Central American and Caribbean regional bluetongue epidemiologic study: antecedents and geographic review. In *Bluetongue, African horse sickness and related orbiviruses* (T.E. Walton & B.I. Osburn, eds). 1992; Proc. Second International Symposium, Paris, 17-21 June 1991. CRC Press, Boca Raton.
55. Johnson DJ, Mertens PPC, Maan S, Ostlund EN. Exotic bluetongue viruses identified from ruminants in the southeastern US from 1999-2006. *Proc Annu Conf Am Assoc Vet Lab Diagn*. 2007;50:118.
56. Greiner EC, Mo CL, Homan EJ, Gonzalez J, Oviedo MT, Thompson LH, Gibbs EPJ. Regional Bluetongue Team, Epidemiology of bluetongue in Central America and the Caribbean: initial entomological findings. *Med Vet Entomol*. 1993;7:309-315.
57. Martinez N, Alfonso A, Barrera M. Primer Reporte De Bovinos Seroreactores Al Virus Lengua Azul En Cuba. *Rev Salud Anim*. 2011;33(2):131-133.
58. MacLachlan NJ, Zientara S, Stallknecht DE, Boone JD, Goekjian VH, Sailleau C, et al. Phylogenetic comparison of the S10 genes of recent isolates of bluetongue virus from the United States and French Martinique Island. *Virus Res*. 2007;129(2):236-240.
59. Mertens P, Baylis M, Mellor PS. *Bluetongue*, vol 1, 1st Elsevier, London UK. 2009:483.
60. Thompson LH, Mo CL, Oviedo MT, Homan EJ. Interamerican Bluetongue Team. Prevalence and incidence of Bluetongue Viruses in the Caribbean Basin: serologic and virologic findings. *Bluetongue, African Horsesickness and related Orbiviruses*. 1992.
61. Walton T, Osburn B. Bluetongue, African Horsesickness and related orbiviruses. In: Walton, T., Osburn, B. (Eds.), *Proceedings of the Second International Symposium*. 1992.
62. Gibbs EPJ, Greiner EC, Alexander FCM, King TH, Roach J. Serological survey of ruminant livestock in some countries of the Caribbean region and South America for antibody to bluetongue virus. *The Veterinary Record*. 1983;113(19):446-448.
63. Gibbs EPJ, Homan EJ, Mo CL, Greiner EC, Gonzalez J, Thompson LH, et al. Regional Bluetongue Team. Epidemiology of bluetongue viruses in the American tropics. *Tropical Vet Med*. 1992;1(1):243-250.
64. Greiner EC, Alexander FCM, Roach J, Moe V, Borde G, Taylor WP, et al. Bluetongue epidemiology in the Caribbean region: serological and entomological findings from a pilot sentinel system in Trinidad and Tobago. *Medical Vet Entomol*. 1989;3:101-105.
65. Homan EJ, Mo CL, Thompson LH, Barreto CH, Oviedo MT, Gibbs EPJ, et al. Epidemiologic study of bluetongue viruses in Central America and the Caribbean: 1986-1988, Regional Bluetongue Team. *American J Vet Res*. 1990;51(7):1089-1094.
66. Metcalf HE, Pearson JE, Klingsporn AL. Bluetongue in cattle: a serologic survey of slaughter cattle in the United States. *Am J Vet Res*. 1981;42 (6):1057-1061.
67. OIE, 2010. Código Sanitario para los Animales Terrestres. Disponible en: <http://www.oie.int/eng/normes/mcode/es-chapitre-1.8.3.htm>.
68. Acevedo AM, Vega A, Hinojosa Y, Lazo AM, Relova D, Coronado L, et al. Standardization of a SYBR Green-I based real-time RT-PCR assay for detection of bluetongue virus in sentinel animals. *Rev Salud Anim*. 2016;38(1):46-51.

69. Balasuriya UB, Nadler SA, Wilson WC, Pritchard LI, Smythe AB, Savini G, et al. The NS3 proteins of global strains of bluetongue virus evolve into regional topo-types through negative (purifying) selection. *Vet Microbiol.* 2008; 126(1-3):91-100.
70. Maan S, Maan NS, Nomikou K, Veronesi E, Bachanek-Bankowska K, Belagana-halli MN, et al. Complete genome characterisation of a novel 26th bluetongue virus serotype from Kuwait. *PloS ONE.* 2011;6(10), e26147.
71. Calistri P, Goffredo M, Caporale V, Meiswinkel R. The distribution of *Culicoides imicola* in Italy. Application and evaluation of current Mediterranean models based on climate. *J Vet Med.* 2003;40:132-138.
72. García I. Insectos hematófagos de Cuba. *Poeyana.* 1976;154.
73. Maclachlan NJ, Guthrie AJ. Re-emergence of bluetongue, African horse sickness, and other Orbivirus diseases. *Vet Res.* 2010;41-35.

Contribución de los autores: Ana María Acevedo: Preparó el manuscrito completo de la publicación, diseño y elaboró los acápites de Introducción, Situación en Cuba y Conclusiones. Revisó la versión final del manuscrito. Maray Curiel: Contribuyó con el desarrollo de los acápites de Distribución, Vectores del VLA y serotipos del VLA. Damarys Relova: Contribuyó en el desarrollo de los acápites Situación en las Américas, el Caribe y América del Norte. Carmen Laura Perera: Participó de conjunto con el primer autor en el diseño y desarrolló los acápites de América del Sur, América Central y el Caribe.

Este artículo se encuentra bajo licencia [Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional \(CC BY-NC 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)