

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DEL RUBULAVIRUS PORCINO, USANDO EL GEN M.

Loza-Rubio E^{1*}; Arreola LJ¹; DeMattos CA; De Mattos CC; Martínez LA¹; Ramírez MH².

1. CENID-Microbiología Animal, INIFAP. Km 15.5 Carretera México-Toluca, 05110, México D, F; 2.FMVZ-UNAM; 3.

Correspondencia con el autor: loza.elizabeth@inifap.gob.mx

INTRODUCCIÓN

El *Rubulavirus porcino* (PoRV) pertenece a la familia *Paramixoviridae*. Es un virus ARN de cadena negativa que afecta a los cerdos de diferentes edades y sólo se ha detectado en México. El PoRV posee seis genes (1); para estudios de epidemiología molecular se utiliza generalmente el gen que codifica para la hemaglutinina; sin embargo en este estudio se eligió al gen M, ya que en el caso de otro paramixovirus, el del sarampión, éste gen se ha encontrado altamente mutado (2); además mediante RFLP, nuestro grupo encontró que había diferencias de corte al usar la enzima *ApaI* en uno de los aislamientos (3). Es por ello que el objetivo de este estudio fue secuenciar fragmentos amplificados por PCR a partir de aislamientos del PoRV, para determinar las posibles mutaciones existentes entre diferentes aislamientos ocurridos en brotes en México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se trabajaron nueve aislamientos procedentes de diferentes brotes, los cuales se replicaron intracerebralmente en ratones CD-21 y en células PK 15. El ARN de diferentes muestras se extrajo con Trizol LS®. El ADN complementario se sintetizó con el iniciador sentido. La PCR se llevó a cabo usando las condiciones y programa previamente establecidos (3); el ADN amplificado se purificó y se envió a secuenciar. El producto secuenciado fue de 382 pb. Para la caracterización molecular se usó el programa DNADIST del paquete PHYLIP. En el análisis filogenético se usó el programa Neighbor.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el dendograma obtenido podemos ver los aislamientos mexicanos de PoRV, que corresponden a un aislamiento original realizado en 1981 (LPM), otro en 1984, cuatro aislamientos de Jalisco (tres de 1989, uno de 1998), dos de Guanajuato (1998, 2000) y uno del Estado de México (1989). Estos

aislamientos se compararon con el gen M del virus del sarampión (mumps) y de un paramixovirus de simio (SM). A pesar de que mediante el estudio de RFLP, sólo se detectaron diferencias con respecto al aislamiento del Estado de México, al realizar la secuenciación de este el aislamiento se observó que fue el más alejado filogenéticamente; sin embargo en los otros aislamientos también se observaron diferencias que pudieran originar diferencias en la patogenicidad del virus, lo que pudiera explicar los diferentes cuadros clínicos que se presentan durante la enfermedad.

REFERENCIAS

1. Sundquist *et al.* 1990. J. Gen. Virol. 71:609-613.
2. Cattaneo R, Billeter MA. 1992. Curr. Top. Microbiol. Immunol. 176:63-79.
3. Loza-Rubio E, *et al.* Mem. Reunión Nal. De Invest Pec Méx. 2003. p.125.

