

# IDENTIFICACIÓN DEL VIRUS DE LA INFLUENZA PORCINA EN MÉXICO POR qRT-PCR y RT-PCR PUNTO FINAL

AVALOS-GUZMÁN P,\* SÁNCHEZ-BETANCOURT JI, TRUJILLO-ORTEGA ME.  
FMVZ, UNAM

paulina\_morina@hotmail.com

## INTRODUCCIÓN

La influenza porcina es una enfermedad viral que afecta a una gran variedad de especies incluyendo al humano y al cerdo. La alta capacidad mutacional del virus, su capacidad de alteraciones por recombinación interespecie de material genético, y el amplio número de especies que afecta, son factores que favorecen su efectiva transmisión y propician la generación de nuevos serotipos de alta patogenicidad y potencial capacidad de transmisión entre especies incluyendo al humano. <sup>(1)(2)</sup>

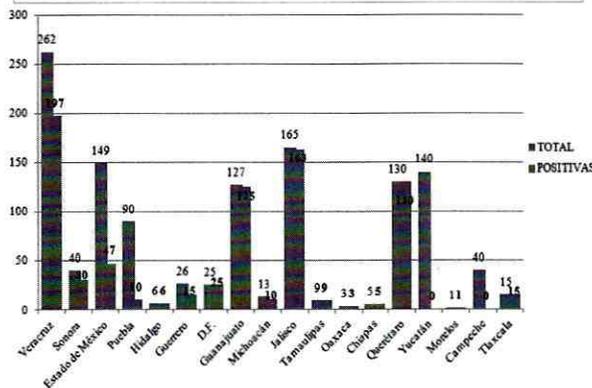
## MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó un muestreo a nivel de rastro y se obtuvieron 1246 muestras de pulmón, las cuales fueron procesadas por la técnica de qPCR con el Kit- FIND-IT INFLUENZA de Biotecnologías Moleculares, S.A. de C.V. Condiciones de amplificación Tiempo Real: 1 ciclo a 42 °C por 30 min. 1 ciclo a 95 °C por 10 min. 40 ciclos a 95 °C por 15 seg. y 60 °C por 45 seg. Posteriormente se realizó RT-PCR punto final con el KIT QUIAGEN®. No. de Catalogo 210212. Se utilizaron las condiciones de amplificación y los oligonucleótidos descritos por Beltrán FR, *et al.* <sup>(3)</sup> Los amplicones tuvieron un peso molecular de 1007 pb (H1), 754 pb (N1), 650 pb (H3), 502 pb (N2) y 239 pb (M).

## RESULTADOS

Los estados positivos fueron: Estado de México (47), Veracruz (197), Puebla (10), Jalisco (163), Querétaro (130), Michoacán (10), Guanajuato (125), Tamaulipas (9), Oaxaca (3), Hidalgo (6), Guerrero (15), Chiapas (5), Sonora (30), D.F. (25), Tlaxcala (15), Morelos (1).

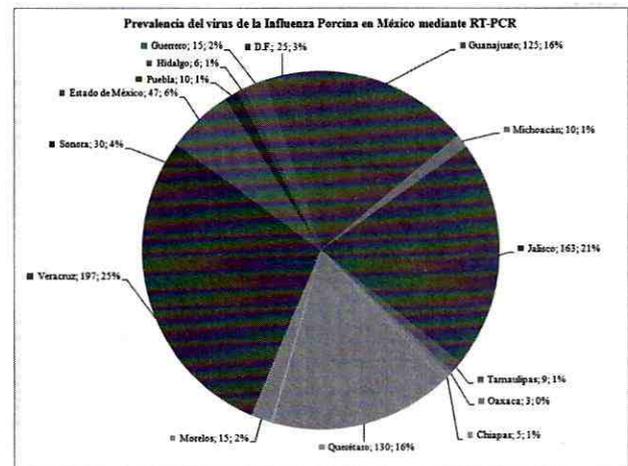
Muestreo a nivel de rastro e identificación del virus de la Influenza Porcina en México mediante qRT-PCR



## DISCUSIÓN

El ensayo de qPCR fue utilizado para permitir un análisis rápido de los virus de influenza presentes en México

durante el periodo de septiembre del 2009 a enero del 2011. La prevalencia en nuestro estudio fue del 63.48 %. Los estados con mayor prevalencia fueron Veracruz con 25%, Jalisco, Querétaro y Guanajuato con 16%. Al realizar la técnica de RT-PCR punto final para identificar el subtipo en las muestras positivas, 12 muestras resultaron positivas para el gen N1y 1 muestra fue positiva para H3N2, en el resto de las muestras no fue posible identificar amplicones para (H1, H3, N1 y N2) lo que nos sugiere la presencia de variabilidad genética en los virus presentes en las muestras.



## CONCLUSIONES

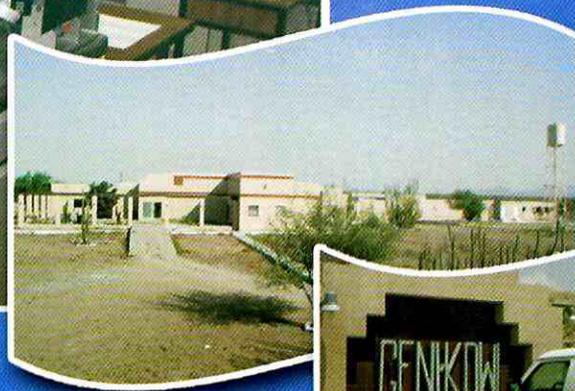
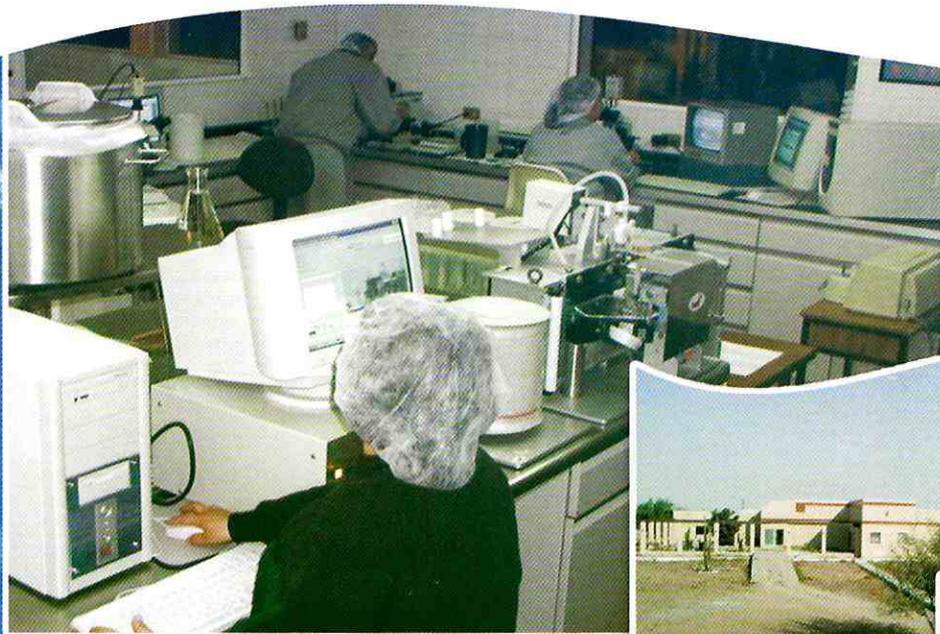
Se identificaron bandas de aproximadamente 100 pb, hallazgo que se ha reportado en Europa y América, en el que existe la presencia de recombinación genética entre genes de tipo porcino, humano y aviar en el gen M. <sup>(4)</sup> Se diseñaron un par de oligonucleótidos con los que se pudo diferenciar al virus de campo del virus vacunal. También se puede concluir que existen cepas prevalentes en México que no pueden ser detectadas con oligonucleótidos diseñados hacia cepas de referencia por la técnica de RT-PCR punto final. Las muestras procedentes de Yucatán y Campeche resultaron negativas.

## REFERENCIAS

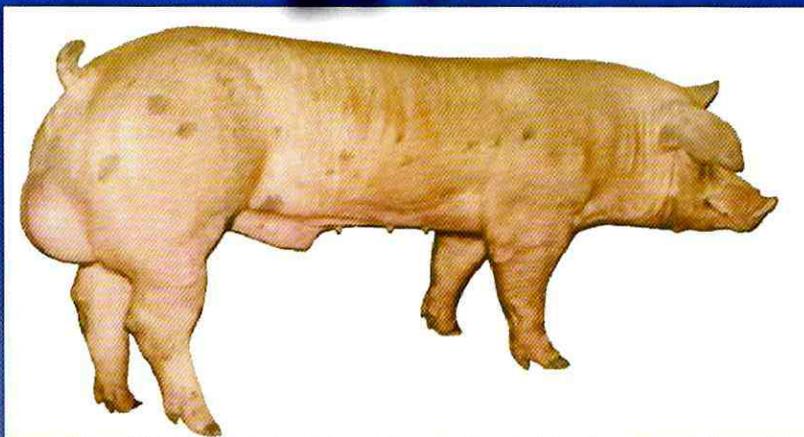
- (1) Cooper L A, Subbarao K. A Simple Restriction Fragment Length Polymorphism-Based Strategy That Can Distinguish the Internal Genes of Human H1N1, H3N2, and H5N1 Influenza A Viruses. *J Clin Microbiol.* 2000 Jul;38(7):2579-83.
- (2) Coiras MT, Aguilar JC, Galiano M, Carlos S, Gregory V, Lin YP, Hay A, Pérez-Breña P. Rapid molecular analysis of the haemagglutinin gene of human influenza A H3N2 viruses isolated in Spain from 1996 to 2000. *Arch Virol.* 2001;146: 2133-2147.
- (3) Beltrán-Figueroa R, Sánchez-Betancourt JI, Trujillo-Ortega ME. Identificación del virus de influenza porcina subtipos H1N1 y H3N2 mediante RT-PCR. (tesis de licenciatura). México D.F. Universidad Nacional Autónoma de México, FMVZ. 2009. 51 p
- (4) Van Born S, Rossel T, Vangeluwe D, Vandenbusche F, van den Berg T, Lambrecht B. Phylogeographic analysis of avian influenza viruses isolated from Charadriiformes in Belgium confirms intercontinental reassortment in gulls. *Arch Virol.* 2012 May 13. [Epub ahead of print]

# Geni-kowii ♂

CENTRO DE INSEMINACIÓN ARTIFICIAL PORCINA



**Experiencia en la producción  
de semen porcino**



**INFORMES:**

Tels.: (644) 414 48 03

(644) 413 02 57

e-Mail: [msegura@kowi.com.mx](mailto:msegura@kowi.com.mx)

