

GENOTIPIFICACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS DE PRRS EN MÉXICO

Lara-Puente J*, Echeveste-García de Alba R, Quezada-Monroy F, Cortés-Fernández R, Castro-Peralta F, Lozano-Dubernard B, Sarfati-Mizrahi D, Soto-Priante E.

Laboratorio Avi-Mex, S. A. de C. V.; Investigación y Desarrollo Línea Porcina, México, D. F. México.

lara@avimex.com.mx

Introducción

La enfermedad de PRRS se diagnosticó por primera vez en México a mediados de los 90's y se diseminó rápidamente en la pira nacional. Dadas sus repercusiones en la cadena productiva a nivel de granja, actualmente se ha convertido en la principal fuente de pérdidas económicas para la industria. El objetivo de este trabajo fue el de evaluar la evolución de los diferentes virus de PRRS que tenemos aislados de México, determinar la homología entre los mismos y las implicaciones para el control de la enfermedad.

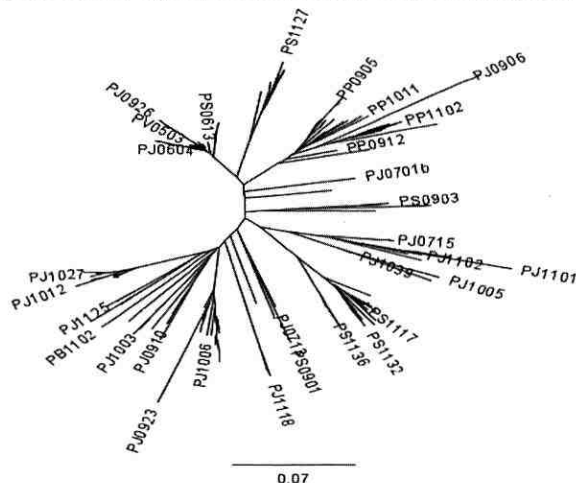
Material y Método

Basados en el análisis genético de 277 secuencias de casos clínicos colectados en varios estados del país entre 2005 y 2011, se construyó un dendograma (Esquema 1) para verificar la evolución viral y los patrones en la dinámica de infección en el país (Vector NTI advance v11.5.1; geneious Basic v5.0).

Resultados

Basados en el análisis del ORF5 de nuestros datos, se han determinado +28 diferentes clústeres. El aislamiento norteamericano de 1992 (Collins *et al*) denominado VR-2332 (GenBank-U87392) está emparentado con un virus aislado en Jalisco (a) que a su vez evolucionó en 2 primeras ramas denominadas Jalisco (b) y Sonora (a). Después evolucionó como Jalisco (c), Sonora (b) Veracruz, Puebla y Bajío. Más recientemente evolucionó como Jalisco (d) y Sonora (c) (Esquema 2). Entre los aislamientos se obtuvo un virus naturalmente no glicosilado (PD0701).

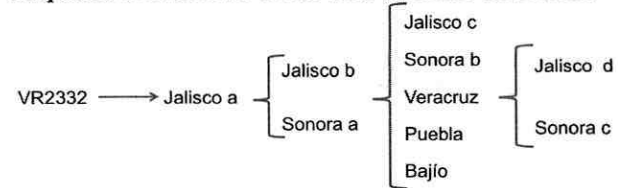
Esquema 1. Dendograma de la evolución del vPRRS mexicano.



Discusión

Hasta el momento en nuestro laboratorio no hemos detectado virus de PRRS tipo I (Europeo) en México; solamente se ha detectado el tipo II (Americano). Este hecho esta igualmente reportado por Sotomayor (2011).

Esquema 2. Evolución de los virus de PRRS en México.



Los virus mexicanos de PRRS han evolucionado de manera separada del VR-2332 desde 2007 (tabla 1). La formación de más de 28 clústeres básicos es también notable. El VR-2332 fue alguna vez un factor relevante en la genética de los virus mexicanos, pero la recombinación viral y las mutaciones naturales lo han ido dejando fuera de este esquema evolutivo.

Conclusiones

El VR-2332 y la cepa activa vacunal derivada fueron introducidas a México antes del 2005. Sin embargo, debido a su evolución se observa que han perdido la homología genética (más de 10%) contra los aislamientos del 2007-2011 (Tabla 1).

De acuerdo a nuestros hallazgos genéticos, los aislamientos de Jalisco parecen ser el origen de las cepas mexicanas. Algunos aislamientos de Jalisco 2009 son similares a los de Puebla, que a su vez son similares a las de Veracruz; esta situación también fue detectada en previos estudios de anticuerpos protectores realizados en nuestro laboratorio (datos no publicados).

Los virus mexicanos parecen estar relacionados regionalmente. Estos hallazgos deberían ser considerados para la elección de un programa de control, para escoger entre las vacunas comerciales disponibles o una estrategia sustentada con autógenos o la combinación de ellos.

Tabla 1. Homología de los virus mexicanos contra VR- 2332.

Año	Número de secuencias	Porcentaje de homología genética del gen ORF5
2005	5	96.6%
2006	48	99.0%
2007	25	89.5%
2008	5	91.2%
2009	49	88.9%
2010	72	88.2%
2011	73	86.9%

Referencias

- Osorio *et al.* J. Virol. (2006). Apr. Vol 80(8): 3994 – 4004.
 Osorio *et al.* J. Virol. (2010). Feb. Vol 84(4): 1731 -1740.
 Sierra y col. (1994). CONASA Comité 2. El aislamiento del virus PRRS en México.
 Sotomayor G.A. (2011). Determinación de muestras positivas al virus de PRRS con la técnica de PCR. Tesis profesional FMVZ, UNAM.
 Collins J, *et al.* J Vet Diagn Invest 1992; 4:117–26