

RELACIÓN DEL TORQUE TENO SUS VIRUS 1 EN LA ENFERMEDAD ASOCIADA A CIRCOVIRUS PORCINO TIPO 2

Vargas, A*., García, L., Ramírez, H.

Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, Universidad Nacional Autónoma de México

El Torque teno sus (TTSuV), pertenece a la familia *Anelloviridae* y al género *lotatorquevirus* con dos especies Torque teno sus virus 1 (TTSuV1) y Torque teno sus virus 2 (TTSuV2). El TTSuV1 posee una cadena sencilla circular de sentido negativo de genoma ADN de 2.9 kb con 4 marcos de lectura abiertos. El TTSuV1 es ubicuo en cerdos domésticos y salvajes, ha sido detectado en la población de cerdos en Europa (Hungria, Italia, Francia y España), Asia (China, Corea, Japón y Tailandia) y América (Canadá y EUA). En la actualidad no se ha establecido si la infección por TTSuV causa una enfermedad específica como agente primario. Sin embargo, se menciona que el TTSuV1 puede contribuir al desarrollo de enfermedades severas en co-infección con agentes virales. Principalmente con el Circovirus porcino tipo 2 (PCV2), en sus diferentes presentaciones de enfermedad asociada a PCV2 (PCVAD). En México no hay estudios o reportes sobre la presencia del TTSuV y su asociación con PCV2.

El objetivo del trabajo fue detectar por primera vez en México el TTSuV1 y su posible asociación en casos de PCVAD.

Materiales y métodos: se utilizaron 100 muestras de tejidos incluidos en parafina de casos de PCVAD de 2001-2009 (68 con lesiones características y positivas a PCV2 por hibridación *in situ* y 32 muestras no afectados, negativos a PCV2). Los casos de PCVAD fueron representativos de una forma clínica particular con base a los criterios diagnósticos de PCVAD; de los cuales 19 casos con Síndrome multisistémico de emaciación post-destete (PMWS), 4 casos con Síndrome de dermatitis y nefropatía porcino (PDNS) y 45 con Falla reproductiva asociada a PCV2 (FR-PCV2). Las 32 muestras no afectadas procedían 20 de casos de falla reproductiva pero negativos a PCV2 y 12 muestras de animales clínicamente sanos y/o sin lesiones histopatológicas.

Todas las muestras fueron evaluadas por PCR anidado para detectar la presencia de TTSuV1 (en reacciones de 50 µl: 1 µM de iniciadores con 1U de Taq DNA polimerasa, Buffer Standard de PCR, MgCl₂ 2.5 mM, dATP 0.2 mM, dCTP 0.2 mM, dGTP 0.2 mM, dTTP 0.2 mM, y 20 ng de templado, se realizaron 40 ciclos a temperaturas de 94°, 56° y 72° correspondientes a desnaturalización, alineación y extensión respectivamente). Al obtener bandas positivas estas se recuperaron y purificaron para su posterior secuenciación en 2 casos, utilizando el iniciador forward y reverse del anidado, la secuencia obtenida corresponde al genoma del TTSuV1 al alinear la secuencia en el software BioEdit. Considerando el estatus de PCVAD y de TTSuV1 se realizaron tablas de

contingencia de 2x2 para evaluar estadísticamente la asociación mediante prueba de Ji².

Resultados: Se estandarizó la PCR anidada para TTSuV1 obteniendo bandas de 255 pb en el anidado. Las muestras de tejido del 2001 procedentes de casos de PMWS y del 2004 de FR-PCV2 fueron consistentemente negativas a TTSuV1. Los casos TTSuV1⁺ fueron detectados a partir del 2003 en casos de PMWS y de PDNS. Del total de muestras, 35% (35/100) fueron positivos a TTSuV1. De los casos de PCVAD 36.8% (25/68) fueron TTSuV1⁺ así como 33.3% (10/32) de los tejidos no afectados. Con respecto a las presentaciones seleccionadas de PCVAD, los casos agrupados de PMWS/PDNS, 37.1% (13/35) fueron TTSuV1⁺. De los tejidos afectados por PCV2, 43.5% (10/23) exhibieron productos de 255 pb mientras que en el 25% (3/12) de los tejidos no afectados por PCV2 no se amplificaron productos. Cabe señalar que el 75% (3/4) de los casos de PDNS y el 36.8% (7/19) casos de PMWS fueron positivos a TTSuV1. De los casos de falla reproductiva en cerdas fue de 33.85% (22/65) del total de casos y 33.3% (15/45) de los casos de FR-PCV2, fueron TTSuV1⁺. Así mismo, 7 de los 20 casos de falla reproductiva que no fue asociada a PCV2 (35%) fueron TTSuV1⁺. El análisis estadístico demostró que no existe relación entre la presentación de PCVAD y la presencia del TTSuV1.

Discusión y conclusión: el TTSuV1 es un agente ubicuo y reportado a nivel mundial, el cual se pudo constatar su presencia en nuestro país y basado en el estudio estadístico del presente trabajo se concluyó que no existe una relación entre la presencia del TTSuV1 y el desarrollo de la PCVAD. A pesar de que trabajos experimentales en EUA y España han podido reproducir PMWS y PDNS inoculando previamente TTSuV1 en el presente trabajo no muestra una relación con estos síndromes así como tampoco en casos de FR-PCV2 ya que no existe información de la asociación entre el TTSuV1 y la falla reproductiva. Probablemente el genotipo o biotipo circulante del TTSuV1 en el país sea diferente al encontrado en otros países.

Referencias bibliográficas: Huang *et al.*, 2011, Virus research; 158: 79-88. Ting-Xiao *et al.*, 2012, Journal of Virological Methods; 183:40-44. Krakowka *et al.*, 2008, American Journal Veterinary; 69(12): 1615-1622. Ellis *et al.*, 2008, American Journal of Veterinary Research; 69(12): 1608-1614.