

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL GEN DE LA POLIMERASA A (PA) DEL VIRUS DE INFLUENZA PORCINA A PARTIR DE AISLADOS VIRALES EN MÉXICO.

*CARRERA A.V,¹ SÁNCHEZ B. I,¹ MERCADO G. C,¹ MENDOZA E. S,²

¹Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos. FMVZ-UNAM. ²Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. FES-C

E-mail: * viccarrera@gmail.com

INTRODUCCIÓN.

El virus de influenza es genéticamente inestable y sufre alteraciones antigénicas y genéticas (drift y shift). Los virus de Influenza Porcina han evolucionado a través del tiempo, desde la aparición del virus clásico porcino H1N1 en 1918, hasta darse a conocer los recombinantes virales que circulan en E.U. de doble y triple origen.¹ Su genoma poseen cierta restricción de hospedero y sus variaciones genéticas proveen evidencia de infecciones inter-especie. La polimerasa A (PA) se localiza en el núcleo celular y forma parte del complejo de polimerasa.² El objetivo de este trabajo pretende determinar el linaje del gen PA por medio de un análisis filogenético.

MATERIAL Y MÉTODOS.

Con el trabajo previo a la identificación de genes internos, se secuenció el gen completo de la PA en el IBT-UNAM de siete aislados virales. El análisis bioinformático inició con un análisis BLAST en la base de datos del NCBI para corroborar la aptitud de las secuencias previamente editadas y alineadas. La construcción de los árboles filogenéticos se realizó a partir de secuencias de aminoácidos. Para caracterizar la historia evolutiva se aplicó el método estadístico de Máxima Verosimilitud y un análisis para determinar el modelo de sustitución ajustado y un test filogenético bootstrap 1000 repeticiones.

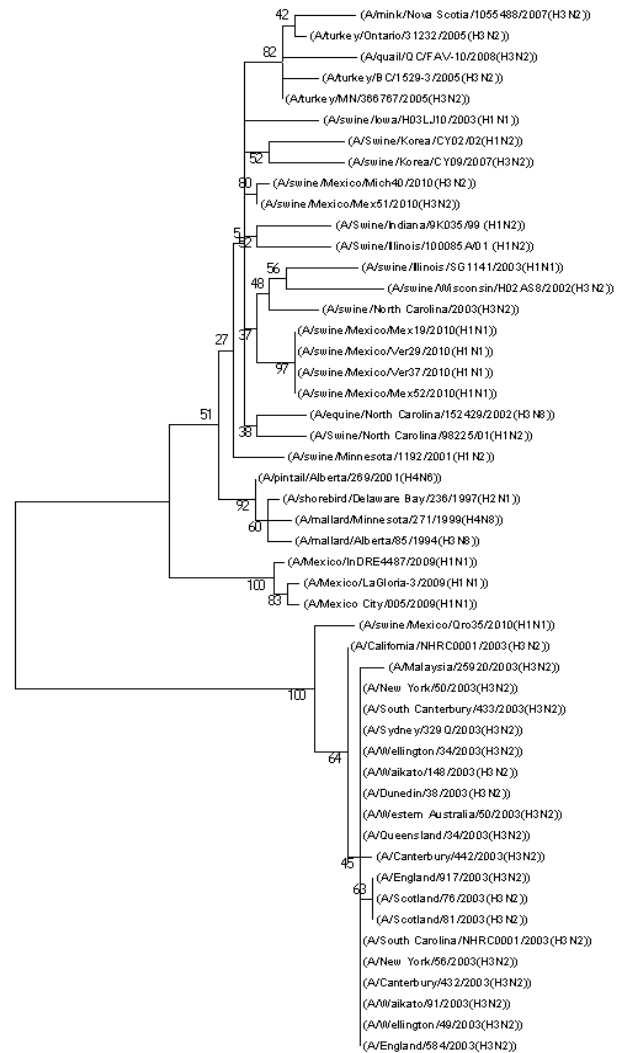
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La reconstrucción filogenética indica para el virus (A/swine/México/Qro35/2010(H1N1)) una elevada similitud y variación con respecto a los huéspedes así como en la distribución geográfica a virus de influenza humana H3N2 que circularon en años pasados. La rama evolutiva difiere a los otros aislamientos virales incluyendo las secuencias de los virus pandémicos reportados en México. Los otros aislados muestran similitud de origen porcino. **Ver Imagen 1.**

Además, del gen de la Hemoaglutinina, los genes internos del virus de influenza podrían jugar una discriminación en el hospedero. Se ha reportado que las mutaciones en los tres genes de la polimerasa, así como también la Nucleoproteína (NP), tiene un efecto en la virulencia o capacidad replicativa en huéspedes específicos debido a la poca presión inmune ejercida por el hospedero que les permite escapar a la respuesta inmunitaria.

Estos reordenamientos constituyen una forma en que el virus evoluciona y dependiendo del sitio y tipo de mutación puede originar cambios significativos en su genoma viral

Imagen 1. Árbol filogenético para el gen PA del virus de influenza porcina



CONCLUSIÓN

Considerado que el riesgo para la salud continua por el virus de influenza pandémico A/H1N1, es necesario detectar potenciales reacomodos implicados en la aparición de los nuevos virus a través de los análisis filogenéticos. El análisis bioinformático permitió evaluar el nivel de discrepancia entre los aislamientos virales y otros subtipos y huéspedes existentes en la base de datos del NCBI.

BIBLIOGRAFÍA

- (1) Gramer, *et. al.*. Journal of Swine Health and Production — Volume 13, Number 3
- (2) Webster, *et. al.*. Microbiological Reviews, Mar. 1992, p. 152-17