

## ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA HEMAGLUTININA DE AISLAMIENTOS DE INFLUENZA PORCINA H3N2 EN MÉXICO.

Ramírez, S.\* , Massa, A., Raya, R., Macías, M., Franco, A., Flores, A., Armenta, C.

Lapisa S.A. de C.V.; Carretera La Piedad-Guadalajara Km. 5.5, Col. Camelinas, C.P. 59375, La Piedad, Michoacán; México. Tel. 01(352) 52 6 13 00. www.lapisa.com; susana.ramirez@lapisa.com

### INTRODUCCIÓN

La influenza porcina es causada por virus de influenza tipo A. La hemaglutinina (HA) es el gen que determina los receptores celulares a los que puede unirse el virus y responsable del rango de especies que puede infectar<sup>1</sup>. Entre aislamientos del mismo tipo de HA existen grupos genéticos y antigénicos diversos. Por lo anterior se realizó un estudio filogenético de la HA de aislamientos H3N2 para la identificación de clusters genéticos.

### MATERIALES Y MÉTODOS

La información de 46 del total de aislamientos obtenidos en nuestro laboratorio durante los años 2011 y 2012 fue analizada. Los aislamientos provinieron de muestras de hisopos nasales y/o pulmones de animales con signología clínica compatible con Influenza colectadas de granjas porcinas de los estados de Sonora (SR), Guanajuato (GT), Jalisco (JC), Michoacán (MN) y Yucatán (YN).

Las muestras fueron procesadas e inoculadas para aislamiento en la línea celular estándar mediante la técnica descrita por Song et al. (2003)<sup>2</sup>. Para la identificación de RNA viral se utilizó una prueba de RT-PCR de tiempo real para influenza tipo A y la posterior identificación del tipo de HA y Neuraminidasa. Los genes HA1 de los aislamientos fueron amplificados y secuenciados mediante un secuenciador LICOR modelo 4300DNA Analyzer.

Las secuencias de las cepas de referencia fueron obtenidas del GenBank®. Se realizó una búsqueda comparativa de los aislamientos mediante la herramienta BLAST del GenBank® y se elaboró un árbol filogenético de los mismos incluyendo cepas de referencia de grupos genéticos identificados previamente<sup>3,4</sup>. El programa BioEdit sequence alignment editor 7.1.3.0. fue utilizado para la traducción de secuencias a aminoácidos y creación de árbol genético.

### RESULTADOS

El árbol filogenético de las secuencias del gen HA1 se presenta en la Fig. 1. Los aislamientos mexicanos se identifican por llevar las siglas SR, GT, JC, MN y YN del estado correspondiente. Puede observarse la formación de 2 grupos genéticos señalados como A y B.

### DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

Mediante la búsqueda en el BLAST del GenBank® se confirmó que la mayoría de las secuencias (36) encontraron similitud con cepas categorizadas en el Cluster IV de H3N2 clasificado previamente (B), siendo este un grupo genético endémico en granjas norteamericanas desde hace

aproximadamente 7 años<sup>5</sup>. El grupo A no presentó homología con aislamientos porcinos del GenBank, encontrándose su mayor similitud con secuencias correspondientes a virus humanos estacionales categorizados como Circa 1997. Esto sugiere que pudieran pertenecer a clusters genéticos y/o antigénicos no reportados previamente en porcinos.

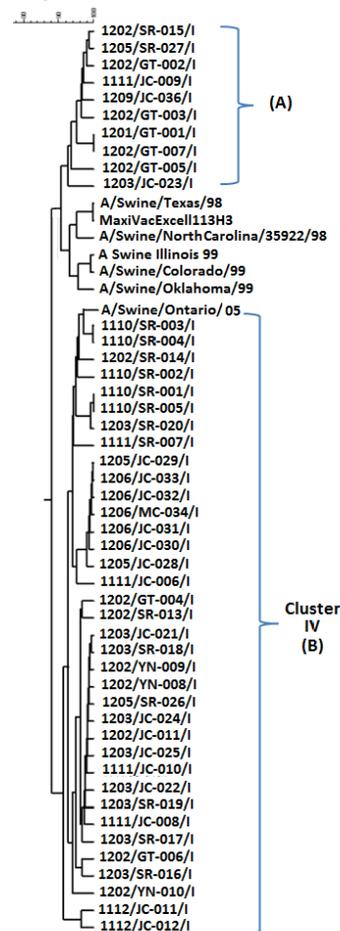


Fig. 1 Árbol Filogenético basado en secuencias de aminoácidos de genes HA1 de 46 aislamientos mexicanos y 7 cepas de referencia H3N2.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Galloway et al. 2013. PLOS Pathogens. (9)2:2-17.
- Song et al. 2003. J. Vet. Diagn. Invest. 15:30-34.
- Webby et al. 2000. JVI. (74)18:8243-8251.
- Kitikoon et al. 2012. JVI. (86)12:6804-6814.

<sup>5</sup>Olsen et al. 2006. Emerg. Infect. Dis. (12)7:1132-1135.