

ANÁLISIS GENÉTICO DEL VIRUS DE LA DIARREA EPIDÉMICA PORCINA (PED) EN MÉXICO 2013 - 2015

Echeveste G. de A. R., Quezada M. F., Cortés F. R., Lozano D. B., Sarfati M. D., Soto P. E., Lara P. J. H.*

Laboratorio Avi-Mex, S. A. de C. V.

horacio.lara@avimex.com.mx

Introducción. La presencia de la Diarrea Epidémica Porcina (DEP) se reportó por primera vez en México y oficialmente ante la OIE en mayo del 2014, con base a muestras remitidas para su análisis molecular al SENASICA. Con el objetivo de aportar información sobre la homología genética del virus de DEP (VDEP) y determinar su distribución geográfica, se realizó un análisis de secuencias a partir de muestras provenientes de diferentes estados del país.

Material y Método Se analizaron los resultados de 98 secuencias de nucleótidos obtenidas de la región S1 de los VDEP a partir de muestras provenientes de 6 estados de la República que incluyeron Sonora, Jalisco, Puebla, Veracruz, Estado de México y Morelos, y que fueron remitidas entre el 2013 y febrero del 2015. Los resultados se analizaron con el programa Vector NTI ver. 11.0 para la generación de dendogramas. La determinación de una rama o subtipo fue estimada con una diferencia genética $\geq 1\%$, mientras que secuencias con una homología genética entre el 0.5% y 0.01% fueron consideradas como una misma variante antigénica o clade. Se tomó como “virus tipo” a las secuencias identificadas como “Illinois 63, 2013” y que proviene de los Estados Unidos de Norteamérica.

Resultados y Discusión.

En el esquema 1 se observa la agrupación de las 98 secuencias genéticas en 3 ramas y más de 18 clades, sin que ello signifique diferencias antigénicas en alguna de las muestras. Las muestras de Jalisco corresponden a las 3 ramas encontradas, mientras que las muestras de Sonora y algunas de Jalisco corresponden a la rama 2; de la rama 3 (hasta el momento la más amplia) se detectan las secuencias de Morelos, Veracruz, Puebla y el Estado de México. En muestras de Jalisco y Veracruz se detectaron secuencias que presentan la mayor variación genética (1.5%). Las secuencias de una muestra proveniente de Jalisco tiene un 100% de homología genética con el VDEP “Illinois 63, 2013”.

Conclusiones.

Se determinó que las 98 secuencias analizadas presentan una buena homología genética entre ellas (<1.5%).

Referencias Bibliográficas

- 1.- Heneidi Z. A. 2° Simposio DEP en México, FMVZ UNAM 2014.
2. - FAO, IAEA, EIB Animal Pathogens phylogenetics: Basic principles and its application. 2014.

Esquema 1

