

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL ORF2 DEL TORQUE TENO SUS VIRUS 1a y DEL TORQUE TENO SUS VIRUS Y 1b A PARTIR DE CASOS DEL SÍNDROME DE EMACIACIÓN MULTISISTÉMICO POST DESTETE

Vargas A^{*2,3}, Ramírez H¹, Sánchez J², Rangel C¹, Araiza D¹, García L¹.

¹FES-Cuautitlán-UNAM, Cuautitlán, Estado de México, México; ²FMVZ-UNAM, México, D. F. México;

³Programa de Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal. styfler18@hotmail.com

Palabras clave: ORF2, PMWS, TTSuV1a, TTSuV1b

Introducción

El Torque teno sus virus (TTSuV) es un virus con genoma ADN de cadena sencilla de polaridad negativa, de 2.7-2.9 kb, posee 3 marcos de lectura abierta (ORF), ORF1 codifica para la cápside (1), ORF2 fosfatasa asociada a replicación e inhibición del NFκB (1, 3) y el ORF3 sin función reportada. El TTSuV pertenece a la familia *Anelloviridae*, dicha familia comprende dos géneros: *Iotatorquevirus* con dos especies (TTSuV1a y TTSuV1b), y *Kappatorquevirus* con una especie (TTSuVk2). Los TTSuV son agentes ubicuos en cerdos domésticos y salvajes. A pesar de que los Anellovirus no se han reportado como agentes causales de alguna enfermedad, estos han sido reportados en co infección con otros agentes, principalmente con el Circovirus Porcino tipo 2 (PCV2) particularmente en el Síndrome Multisistémico de Emaciación Post destete (PMWS) (2).

Materiales y métodos

Para llevar a cabo un análisis filogenético de ambas especies de *Iotatorquevirus* a partir de casos de PMWS, se seleccionaron 44 linfonodos incluidos en parafina que cumplieran los criterios internacionales de diagnóstico para PMWS y tejidos linfoides de lechones sanos post destetado; el ADN genómico fue utilizado como template para la PCR anidada teniendo como blanco amplificar el ORF2 completo del TTSuV1a y el TTSuV1b. Los productos amplificados fueron purificados y secuenciados para construir los árboles filogenéticos con el método de Maximum Parsimony. La validación estadística de la topología de los árboles fue con valores de bootstrap, 1000 repeticiones. Los valores de bootstrap mayores a 70 (70%) fueron considerados muy similares.

Resultados y discusión

Los protocolos de PCR anidada para el TTSuV1a amplificaron 9 productos de 456 pb, la secuenciación de dichos productos reveló ser específicas de la especie 1a, obteniéndose el ORF2 completo: 219 nucleótidos, mostrando una predicción de 72 aminoácidos, mostrando homología con secuencias de americanas, canadienses y chinas. Dichos resultados fueron confirmados dado que la topografía del árbol filogenético mostró dos cladas bien definidas: las mexicanas en alta homología con secuencias americanas, Canadienses y Chinas, y otra clada formada por secuencias Europeas y de Sudamérica. Por otra parte se obtuvieron 15 productos de 509 pb para el TTSuV1b, a secuenciación de dichos productos revelaron ser específicos para la especie 1b, obteniéndose el ORF2 completo: 270 nucleótidos, mostrando una predicción de 68 aminoácidos, mostrando cambios en 9 posiciones mostrando una mayor

divergencia, la topografía del árbol filogenético reveló que 8 secuencias se encuentran en la clada con alta homología con secuencias Chinas, Canadienses, Americanas y Brasileñas las cuales son secuencias que pertenecen al Torque teno sus k2 (TTSuVk2), por otra parte 4 secuencias mostraron homología con secuencias Alemanas e Inglesas, mientras que 1 secuencia se encontró en otra clada en homología con secuencias Españolas, Japonesas y Argentinas. Dado que las frecuencias reportadas en México del Torque teno sus virus 1a (4) y del Torque teno sus virus 1b son muy bajas en comparación con lo reportado en países Europeos como España, Reino Unido, Rumania (4), y dado que el ORF2 está asociado a la replicación además de tener un efecto sobre la inmunidad del huésped (3), por lo que los cambios en este marco de lectura abierta pueden representar un cambio importante en la patogenicidad de estos agentes, modificando su expresión o distribución. Por otra parte, un gran número de las secuencias mexicanas mostraron homología con secuencias del TTSuVk2 demostrando que este *Anellovirus* circula en nuestro país incluso en mayor frecuencia que el TTSuV1b.

Conclusiones

El presente trabajo ha documentado que las tres especies de TTSuV están presentes en nuestro país, compartiendo una mayor similitud con las secuencias de Asia y América, en su mayor parte con los chinos, pero menor homología con secuencias europeas. Esto último podría explicar la diferencia en las frecuencias principalmente con los reportes de países europeos ya que la prevalencia TTSuV en casos de PMWS en se ha encontrado significativamente menor. Además, nuestros resultados han demostrado que las secuencias Mexicanas de los TTSuV poseen una variabilidad de nucleótidos en el ORF2, dando lugar a cambios en los aminoácidos. Esos cambios podrían estar relacionados con un potencial patogénico diferente.

Referencias bibliográficas

1. Cadar *et al.* (2013) *Vet Microbiology* 166:200-213.
2. Ellis *et al.* (2008). *Am J Vet Res* 69 (12): 1608-1614.
3. Singh *et al.* (2016). *Virus Research* 220:33-38.
4. Vargas *et al.* (2014). *Proceedings of the 23rd IPVS Congress* P-548: 529