

# ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE VIRUS DE PRRS INCLUYENDO CEPAS MEXICANAS

\*García M<sub>1</sub>, Segura VR<sub>1</sub>, Martínez BR, Sotomayor A<sub>1</sub>, Mercado C<sub>1</sub>, Sánchez-Betancourt JI<sub>1</sub>

<sup>1</sup>Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos.

UNAM. Palabras clave: PRRSV, filogenia, cepas mexicanas. [marianitafmvz@hotmail.com](mailto:marianitafmvz@hotmail.com)

## Introducción

El virus del Síndrome Reproductivo y Respiratorio Porcino (PRRSV), pertenece a la familia de los *Arterivirus* y se encuentra clasificado en dos genotipos: Europeo (tipo I) y el Norteamericano (tipo II) (Macías, 2006; Zimmerman, 2012; Heydeck, 2015). Se ha estimado que el ARN de PRRSV puede haber evolucionado a un ritmo mayor a 4.7-9.8 x 10<sup>-2</sup> / sitio / año) (Murtaugh, et al., 2010). La glicoproteína GP5 es el gen con mayor variabilidad debido a su alta tasa de mutación y recombinación y por lo que es utilizada para el análisis filogenético. Debido a esta alta variabilidad dentro de la misma cepa, se generan cepas con cambios y variaciones genéticas. En México poco se sabe acerca de las nuevas cepas virales circulantes y que tan lejos filogenéticamente se encuentran de otras cepas reportadas a nivel mundial.

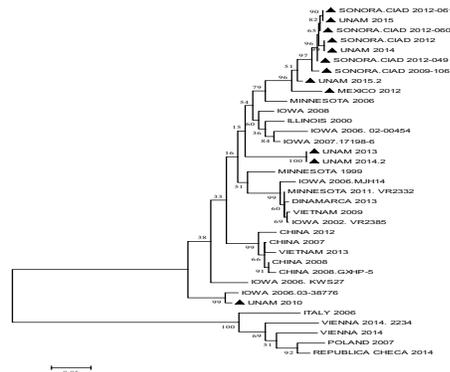
## Materiales y métodos

Se analizaron un total de 47 secuencias del gen GP5 del virus de PRRS, 35 obtenidas del GenBank de diferentes países y años y 12 obtenidas en Laboratorio de Diagnostico del Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos (LDDMZC) identificadas con triángulos. El análisis filogenético se realizó por el método de Máxima Verosimilitud (ML), con un Bootstrap de 1000 réplicas con la finalidad de identificar como se encuentran relacionadas nuestras secuencias filogenéticamente con las obtenidas del GenBank.

## Resultados

Se observa un patrón geográfico dividido en cepas americanas (arriba) y cepas europeas (abajo). Dentro del clado de las americanas las cepas mexicanas se agrupan en 3 grupos filogenéticos junto con cepas de diferentes estados de EU. En el primer clado se observan 9 secuencias mexicanas que abarcan del año 2009 a 2015 y comparten similitud con una cepa de Minnesota del 2006. Un segundo clado se ve representado por dos cepas reportadas en los años 2013 y 2014 que se encuentran lejos del clado uno, pero comparte

similitud con cepas de Iowa e Illinois reportados entre los años 2000 a 2008, el tercer clado se observa solo cepa mexicana del 2010 que comparte



similitud con una cepa aislada en Iowa 2006.

## Discusión

La alta tasa de variabilidad del virus de PRRS genera el interés por identificar las diferencias entre las cepas. El gen ORF5 (GP5) tiene una alta tasa de mutación y recombinación y por lo tanto se emplea en secuenciación para encontrar estas variaciones. En las secuencias mexicanas analizadas se observa esta variabilidad agrupadas en tres diferentes clados aunque los años de reportes son muy cercanos y comparten similitud con cepas reportadas de EU pero poco se sabe de estas nuevas variantes y el cambio que provoca en su variación antigénica. Por lo anterior es importante hacer secuenciación y estudios filogenéticos de genes conservados como ORF 7 para observar la variabilidad que existe y conociendo así, su variación antigénica y poder establecer medidas de control certeras que permitan minimizar la circulación de este virus en nuestro país.

## Referencias

1. Macías, MJ., et al. (2006). *Vét. Méx.*, 37(2), 197-208.
2. Zimmerman JJ, et al. John Wiley and Sons, Inc, 2012: 461-486
3. Heydeck, ML., et al. (2015) *Rev. Méx. Cienc. Pecu.* 6(1). 69-89.