

IDENTIFICACIÓN FILOGENÉTICA DE TRES CEPAS DEL VIRUS DE PRRS CON IMPACTO CLÍNICO EN GRANJAS DE LA ZONA NORTE DE MÉXICO

*Gutiérrez Z¹., Munguía J¹., Carrera V¹., Sanchez J¹ Sanchez-Betancourt., JI²

¹Investigación Aplicada S.A. ²Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdo FMVZ. UNAM

zagutierrez@grupoidisa.com

Palabras clave: PRRS, RFLP, secuenciación.

INTRODUCCIÓN

El virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino representa una amenaza en la industria porcina nacional e internacional, debido a los problemas que generan cuantiosas pérdidas económicas. Los estudios genéticos de aislamientos del virus de PRRS, han demostrado diversidad biológica través del tiempo, a pesar de las manifestaciones clínicas similares, los virus de PRRS son genéticamente divergentes. Actualmente, existen diversos métodos de diagnóstico molecular que han sido desarrollados y usados para la detección y/o genotipificación de los virus de la enfermedad de PRRS [1]. Debido al continuo cambio a nivel genético al que son sometidos estos virus y a todas las contrariedades que se presentan al realizar el diagnóstico es importante disponer de una técnica de diagnóstico rápida y eficaz debido a esto, se determinará la relación filogenética de secuencias genómicas a partir de RFLP's obtenidos de la zona norte del país con secuencias del GenBank, virus de referencia (Cepa Americana y Europea) y secuencias de biológicos comerciales.

Material y Métodos

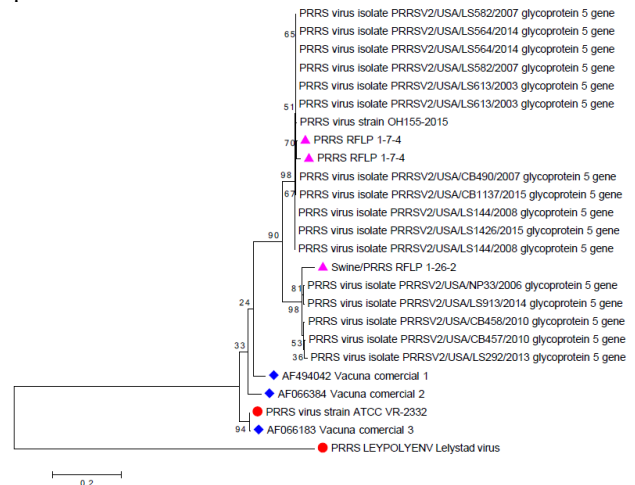
El análisis bioinformático de las secuencias (1-26-2; 1-7-4) inició con un análisis BLAST en la base de datos del NCBI para corroborar la aptitud de las secuencias previamente editadas y alineadas. La construcción filogenética se realizó a partir de secuencias de nucleótidos. Para caracterizar la historia evolutiva se aplicó el método estadístico de Máxima Verosimilitud (ML) y un análisis para determinar el modelo de sustitución ajustado (J Model Test: K2+I) y un test filogenético bootstrap 1000 de repeticiones.

Resultados

En el árbol, filogenético se observan dos linajes, de los cuales uno de ellos contiene al virus Europeo Lelystad.

El otro linaje cuenta con tres clados en el clado inferior se encuentran los virus ATCC VR2332, el virus P129 vacuna comercial (2); el virus vacunal que contiene la vacuna contra la enfermedad de PRRS vacuna comercial (1) y el virus contenido en la vacuna comercial (3). En el clado superior se observan 2 clusters. El virus 1-26-2 aislado en el año 2015 se encuentra muy cercano a una cepa reportada en el 2010 en EU (PRRSV2/USA/CB457). El virus 1-7-4 también aislado en el mismo año está en otro cluster y comparte homología genética con virus de EU reportados en el año 2008 y 2015, lo cual sugiere que estos virus

recién detectados en nuestro país provienen de virus de ese país.



Discusión

Los virus que circularon en la zona norte del país en el 2015 pertenecen a un clado diferente a los virus de las vacunas comerciales. Es importante reportar que en éste año (2015) se generó un evidente impacto clínico por la circulación de cepas diferentes, que puede estar asociado a la falta de protección cruzada contra cepas heterólogas, aun teniendo medidas de control en hatos positivos a PRRS considerados como estables, antes de la entrada de estos virus.

Conclusión

Se reportan en este estudio dos cepas genéticamente diferentes circulando el mismo año en la zona norte de México. Las cuales tienen alta homología genética con cepas reportadas con anterioridad en estados Unidos y que no pertenecen al cluster de vacunas comerciales.

Referencias

[1] Diosdado F. *et. al.* J. Anim. Vet. Adv., 7 (1): 17-20; 2008.