

IDENTIFICACIÓN DE DIFERENCIAS GENÉTICAS DE LOS SUBTIPOS DEL VIRUS DE INFLUENZA PORCINA QUE CIRCULAN EN LA REPÚBLICA MEXICANA.

*Saavedra-Montañez JM.¹, Sánchez-Betancourt JI.², Martínez-Bautista NR.².

¹ *Departamento de Microbiología e Inmunología, FMVZ, UNAM.* ² *Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos, FMVZ, UNAM.*

Palabras clave: influenza porcina, evolución influenzavirus, México manuelsaavedra76@gmail.com

Introducción

La influenza porcina es un padecimiento endémico a nivel mundial, que genera daños a nivel de sistema respiratorio en cerdos.¹ Los virus de influenza pertenecen a la familia *Orthomixoviridae*, tienen un genoma compuesto por ocho segmentos de ssARN(-) que codifica cada uno para una o dos proteínas.² La evolución antigénica de los virus de influenza se produce a través de la deriva antigénica (del término en inglés: drift) caracterizada por la selección de nuevas cepas que contienen cambios de aminoácidos en la HA y la NA, estos cambios son responsables de las epidemias de influenza estacional, también pueden tener reordenamientos genéticos (del término en inglés: shift) asociados con la aparición de virus pandémicos, estos ocurren cuando una célula hospedera es infectada por más de un subtipo diferente y los segmentos genómicos virales se reordenan y se genera una nueva combinación.^{3,4,5} En la población porcina de México circulan nuevos subtipos del virus de influenza que han evolucionado genéticamente y se han recombinado con virus humanos y de otras especies,⁶ debido a esto existe la necesidad de una mejor comprensión evolutiva del virus de la influenza, por tal motivo el objetivo de este trabajo es evaluar los cambios genéticos a través de análisis filogenéticos.

Material y Métodos

La investigación se llevó a cabo con muestras del tracto respiratorio (pulmón, tráquea y linfonodos) de cerdos provenientes de unidades de producción de la República Mexicana. El primer paso fue la identificación del gen M de influenzavirus tipo A por medio de qRT-PCR. Los productos amplificados que fueron positivos se secuenciaron con el equipo Ion Torrent.

Resultados y Discusión

Hasta el momento se han procesado 483 muestras con los siguientes resultados: diez muestras positivas por qRT-PCR, de estas muestras se ha logrado secuenciar el genoma completo de siete de ellas, identificando los siguientes subtipos (H1N1, H3N2 y H1N2). El análisis filogenético de dichas secuencias se realizó comparándolas con el genoma de otros influenzavirus aislados en todo el mundo, incluyendo a los pandémicos y no pandémicos en humanos, cerdos y otras especies. El análisis filogenético de las secuencias de HA y NA nos permitió detectar a un subtipo (H1N1) con una alta relación genética con influenzavirus humanos y otro (H1N1) también de virus humanos pero de Puerto Rico de 1934. Estos análisis nos han ayudado a conocer la evolución genética de dichos subtipos virales.

Es importante continuar con análisis más profundos (incluyendo los ocho segmentos genómicos) que nos indiquen claramente la relación genética de estos virus con otros que pudieran estar circulando en la población porcina de Mexicana, así como las diferencias en la respuesta antigénica que genera cada uno de estos virus.

Conclusión

Con la secuenciación del genoma de los virus de influenza podremos decir que en México circulan nuevos subtipos de influenza que han evolucionado genéticamente y se encuentran circulando en la población porcina de México,

Referencias

1. Bouvier, N.M. and P. Palese. *Vaccine*, 2008. **26**: p. D49-D53.
2. Mc Cauley J.W, Hongo S, et al. *Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*. San Diego, CA: Academic Press, 2012.
3. Webster R, Laver W, Air G and Schild G. *Nature*. 1982; **296**: 115-21.
4. Carrat F and Flahault A. *Vaccine*. 2007; **25**: 6852-62.