

# VARIANTES GENÉTICAS DEL VIRUS DE LA DIARREA EPIDÉMICA PORCINA EN CERDOS LACTANTES Y ENGORDA

Gómez-Núñez L<sup>1\*</sup>, Rivera-Benítez JF<sup>1</sup>, Lara-Romero R<sup>2</sup>, Sanabria VL<sup>3</sup>, Diosdado VF<sup>1</sup>, Martínez LAC<sup>1</sup>, Eguiluz E<sup>4</sup>  
<sup>1</sup>CENID-Microbiología animal, INIFAP. <sup>2</sup>FES-Cuautitlán. <sup>3</sup>UPIBI-IPN. <sup>4</sup>Asesor independiente  
e-mail: [nunez.luis@inifap.gob.mx](mailto:nunez.luis@inifap.gob.mx)

**Palabras clave:** Variación genética, DEP, análisis

## Introducción

El virus de la diarrea epidémica porcina (vDEP) se presentó en México a mediados de 2014, como una enfermedad emergente; en la actualidad son frecuentes los reportes en campo que indican la circulación del virus. Los brotes clásicos de la enfermedad implican una morbilidad del 100% y mortalidad en lechones menores de una semana de hasta el 100%, en otras etapas productivas la mortalidad varía del 1 al 5%.<sup>1</sup> Los animales infectados en las granjas afectadas, pueden generar una respuesta inmune que permita eliminar la infección, sin embargo es común también que la infección se mantenga persistente durante varias semanas.<sup>2,3</sup> El objetivo del presente estudio fue determinar las variantes genéticas del virus de la diarrea epidémica porcina (vDEP) que afectan a cerdos lactantes o en otras etapas productivas.

## Material y métodos

Se analizaron nueve intestinos de cerdos (lactantes y de engorda) que habían presentado un cuadro entérico asociado a la infección por Coronavirus. Las nueve muestras fueron colectadas en el año 2014 (3), 2015 (4) y 2016 (2). Las muestras fueron previamente identificadas como positivas empleando una prueba de RT-PCR punto final y RT-PCR en tiempo real. Posterior a la detección molecular se amplificó un producto de aproximadamente 800 pb perteneciente a la región S1 del vDEP. El producto amplificado fue purificado y secuenciado con el método de Sanger en el IBT de la UNAM. La variabilidad genética fue determinada mediante el análisis de 243 aminoácidos de la región S1 del vDEP, utilizando el programa Mega 7.

## Resultados y discusión

Mediante el análisis de 243 aminoácidos de la región S1 del vDEP, las muestras fueron clasificadas dentro del genogrupo 2. Los porcentajes de homología de las secuencias de aminoácidos fueron de un 99 al 100% comparadas con cepas previamente reportadas del vDEP. Aunado a esto, se identificaron dos epítopes antigénicos denominados previamente como SS2 y SS6. El epítipo SS2 se mostró altamente conservado en todas las secuencias analizadas. Sin embargo, en el epítipo SS6 se detectaron dos sustituciones de aminoácidos en comparación con la cepa clásica aislada en China en 2013 (No. de acceso Genbank: KC189944.1) y una sustitución de aminoácidos con la cepa clásica CV777 (No. de acceso Genbank: AF353511.1). Estas mutaciones han sido observadas en secuencias reportadas previamente en México (Jarvis *et al.*, 2014; Vlasova *et al.*, 2015), Estados

Unidos de América (2013-2014) y Bélgica (2015), clasificados dentro del grupo genético 2 del vDEP. Adicionalmente, las muestras del estado de Puebla (2016), mostraron una sustitución de una valina (V) por una isoleucina (I), una posición antes de la secuencia del epítipo SS6 (PSQYGQVKI) que se ha determinado como una región neutralizante para el vDEP. Se ha reportado que la principal variabilidad genética de los coronavirus se concentra en la porción S1 del gen *Spike* (S), por lo que un simple cambio aminoácido, podría modificar la virulencia y patogenicidad.

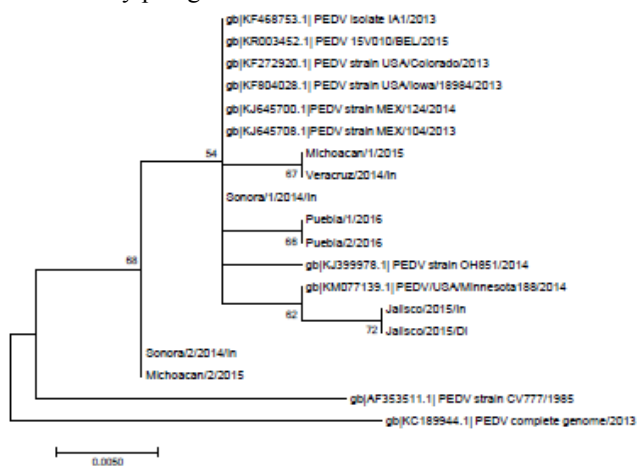


Figura 1.- Relación filogenética de la región S1 del vDEP. La historia evolutiva fue inferida con el método de máxima verosimilitud (ML), basado en el modelo Jones-Taylor-Thornton (JTT). El análisis incluyó 19 secuencias de 243 aminoácidos.

El cuadro clínico que se presentó fue similar al reportado en informes previos en las unidades de producción en los años 2013 y 2014, este incluyó exclusivamente mortalidad (80-100%) en cerdos lactantes menores de una semana.<sup>4,5</sup> El cuadro clínico reportado en 2016 incluyó una nueva variante, que también afectó a cerdos de engorda, en este caso se registró una mortalidad del 80% en cerdos de dos meses de edad.

## Conclusión

La detección de nuevas variantes genéticas con alta virulencia del vDEP es fundamental para implementar nuevas medidas de bioseguridad y control de vDEP en la producción porcina mexicana.

## Referencias

1. Jung *et al.*, 2015; *Vet J.* 204:134–143.
2. Sun *et al.*, 2014 *J Anim Vet Adv.* 13:410–5.
3. Crawford *et al.*, 2015. *Vet Res.* 46:49.
4. Estudio financiado por CONACYT PDCPN2014-01. No. 249177 (SIGI: 15481533550).