

LINAJES DEL VIRUS DE PRRS PRESENTES EN MÉXICO DEL 2006 - 2013

Echeveste G. de A. R.¹, Quezada M. F.¹, Cortés F. R.¹, Lozano D. B.¹, Sarfati M. D.¹, Soto P. E.¹, Leung, F. C.²; Lara P. J. H.^{1*}

¹Laboratorio Avi-Mex, S. A. de C. V.; ²Universidad de Hong Kong, China.

Palabras clave: PRRS, Linajes, México. horacio.lara@avimex.com.mx

Introducción. El Síndrome Respiratorio y Reproductivo Porcino (PRRS) es la enfermedad que más daños ha causado a la porcicultura mundial; tan solo los EU reportan pérdidas de más de 1,000 millones de dólares anuales, lo que ha motivado todo tipo de investigaciones para conocer a fondo al virus y poder paliar sus efectos. A nivel mundial, con pruebas virológicas se encontró que el virus original presentó una divergencia genética que dio origen a los 2 tipos que actualmente se conocen. El uso de la técnica de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) permitió la clasificación de los aislamientos de acuerdo a sus patrones de corte enzimático, la cual hoy está en franco desuso por su complejidad y falta de veracidad genética. Posteriormente usando la secuenciación de la región del ORF5, se logró una clasificación filogenética denominada de alta resolución, habiéndose detectado 9 linajes para el virus tipo 2, mostrando distancias genéticas mayores al 10% entre ellos. Sin embargo, la mayor parte de la información que se ha publicado corresponde a secuencias de los Estados Unidos y Canadá, mientras que en México únicamente se reportó que está presente el virus de PRRS (vPRRS) tipo 2 linaje 5.

Material y Método. Con el objetivo de generar información sobre los posibles linajes del vPRRS presentes en el país y su distribución, se secuenció la región del ORF5 obtenido de 128 muestras que previamente resultaron positivas por la prueba de RT-PCR punto final, provenientes de los estados de Jalisco, Sonora, Puebla y Veracruz, que fueron trabajadas entre los años 2006 y 2013. Estas fueron ingresadas a un dendograma elaborado con secuencias de referencia internacional para el vPRRS tipo 2, donde debido al tamaño y complejidad del dendograma resultante, no se pudo incluir en el texto de este trabajo, pero se realizó un análisis de presencia y porcentual de los linajes obtenidos en México y los estados de aparición.

Resultados y Discusión.

Del análisis del dendograma mencionado, encontramos que las 128 secuencias obtenidas corresponden dentro del patrón de alguno de los 9 linajes (L) reportados en la literatura mundial. Los linajes encontrados fueron L1, L2, L5, L8 y L9. Así mismo, utilizando la información del estado de donde se obtuvieron las secuencias, se determinó el o los linajes observados en cada uno de ellos (Cuadro 1). Jalisco con L1, L5, L8 y L9; Sonora con L1, L2, L5, L8 y L9; Puebla con L1, L5 y L8, y Veracruz con L5. Por último, utilizando la información sobre el estado y el año en que se obtuvieron los aislamientos, se elaboró una gráfica de frecuencia anual de cada linaje (gráfica 1). La frecuencia de identificación fue de 28% para el L1, 5.5% para el L2, 35% para el L5, 30% para el L8 y 1.5% para el L9.

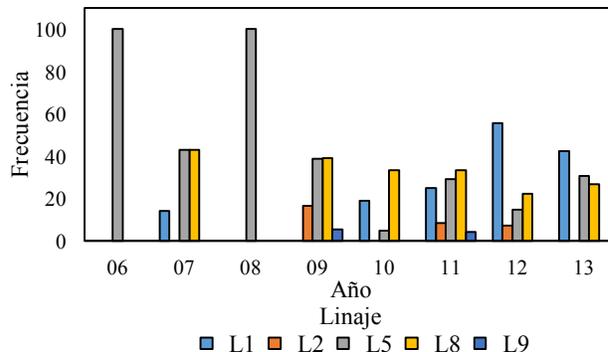
Cuadro 1. Muestras por estado y linaje, así como su frecuencia

Linaje	Jalisco	Sonora	Puebla	Veracruz	Total
1	17 (30.4%)	18 (45%)	1 (3.3%)	0	36 (28%)
2	0	7 (17.5%)	0	0	7 (5.5%)
3	0	0	0	0	0
4	0	0	0	0	0
5	7 (12.5%)	11 (27.5%)	26 (86.7%)	1 (100%)	45 (35%)
6	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0
8	31 (55.4%)	3 (7.5%)	3 (10%)	0	38 (30%)
9	1 (1.7%)	1 (2.5%)	0	0	2 (1.5%)
Totales	56	40	30	1	128

(El número entre paréntesis indica la frecuencia en porcentaje).

Como se muestra en la gráfica 1, el L1 se vuelve cada vez más frecuente desde el 2007; el L5 baja del 2006 al 2010, para volver a incrementarse paulatina e irregularmente hasta el 2013; el L8 se mantiene constante, mientras que L9 es poco frecuente, encontrándose solo en Jalisco y Sonora. El L5 está relacionado con las vacunas vivas modificadas que se utilizan en América.

Gráfica 1. Frecuencia anual del linaje



Conclusiones. Con 128 secuencias analizadas del gen ORF5, se encontró que los linajes del VPRRS tipo 2 presentes en el país de acuerdo a nuestros datos son: L1, L2, L5, L8 y L9, siendo que L5 es el más frecuente (35%), seguido por el L8 (30%), L1 (28%), L2 con 5.5% y L9 con 1.5%. El uso de la clasificación por linajes es una forma internacional de ubicar a los virus de PRRS de manera más adecuada, así como el utilizar una nomenclatura mundial para su identificación más exacta.

Referencias Bibliográficas

- Derald J. Holtkamp (2013) J Swine Health Prod. 21:72-84.
 Federico Zuckerman (2016) AASV: 224 – 226.
 J. H. Lara (2014) IPVS 1:213.
 Mang Shi (2010) J of Virol, 84: 8700 – 8711.
 Mang Shi (2013) Virol, 447: 146 – 154.
 Manreetpal Sing Brar (2015) J Gen Virol, 96: 1570 – 1580.