

PRESENCIA DE CEPAS VACUNALES Y VARIANTES DEL VIRUS DEL SÍNDROME RESPIRATORIO Y REPRODUCTIVO PORCINO (PRRSV) EN GRANJAS SEMITECNIFICADAS.

*Toiber L¹, Téllez R¹, Gayosso A¹, Morilla A², Corona E³, Alonso R¹.

¹FMVZ-UNAM; ²INIFAP-CENID, ³FMVZ-UAT. ralonsom@unam.mx.

Palabras clave: PRRS, vacunas, epidemiología. ralonsom@unam.mx

Introducción

El virus del PRRS se distingue por una elevada variabilidad genética, siendo el gen ORF-5 el más variable, por lo que su secuencia de nucleótidos se emplea para estudios filogenéticos; en cambio el ORF-7 es más conservado, y puede emplearse en detectar cambios genéticos, pero a una mayor escala temporal. En México son escasos los reportes de las variantes de PRRSV basadas en las secuencias del ORF-5 o del ORF-7. El objetivo de este trabajo fue estudiar la variabilidad genética del virus del PRRS a partir de muestras provenientes de granjas semitecnificadas, en donde no se aplica la vacunación.

Materiales y métodos

Se obtuvieron 326 sueros procedentes del estado de Morelos. A partir de los sueros se obtuvo ARN, se sometieron a transcripción reversa y PCR anidada empleando iniciadores para los genes ORF-5 y ORF-7. Los amplicones se clonaron y se obtuvo su secuencia de nucleótidos. Las secuencias de nucleótidos fueron analizadas por alineamiento comparándolas con otras secuencias de referencia y previamente descritas.

Resultados y discusión

El segmento ORF-5 se amplificó y clonó en 8 muestras. El ORF-7, se identificó en 78 muestras, de las cuales fueron clonadas 20 muestras individuales y otras 9 en pool de 2.

Para el ORF-5 se identificaron 6 variantes genéticas, 3 clonas de diferentes muestras resultaron idénticas a la vacuna, y 5 resultaron variantes vacunales. El análisis de las secuencias identificó 7 sitios polimórficos, donde 4 sustituciones fueron cambios no sinónimos.

En el ORF-7 se identificaron 15 secuencias vacunales, y 16 variantes vacunales, con un total de 20 sitios polimórficos, encontrando 1 mutación no sinónima, 8 mutaciones sinónimas y 1 inserción. Las variantes tuvieron de 1 a 3 cambios con respecto a la secuencia vacunal.

Se obtuvieron 3 muestras que fueron secuenciadas en ORF-5 y ORF-7. Todas las secuencias de ORF-7 fueron idénticas al virus vacunal, mientras que la secuencia de ORF-5 en todas las muestras fue diferente por un cambio de nucleótido, siendo 2 no sinónimos.

Cerca de la mitad de las secuencias obtenidas, tanto de ORF-5 como de ORF-7, fueron vacunales, lo que concuerda con estudios anteriores, donde se han identificado más de 1000 secuencias relacionadas a la cepa vacunal⁴. En México, Batista et al. 2004¹, reportó la diversidad de ORF-7 que incluye secuencias vacunales y sus variantes, además algunas variantes previamente reportadas, así como variantes locales. La problemática con las vacunas comerciales ha sido ampliamente estudiada encontrándose propagación viral², infección persistente, protección incompleta y reversión a virulencia con presencia de signos clínicos³.

Conclusiones

Nuestros hallazgos indican que la cepa vacunal está activamente circulando y probablemente desde hace tiempo, generando nuevas variantes. Un buen número de los cambios nucleotídicos detectados, tanto para ORF-5 como ORF-7, fueron cambios no sinónimos. Esto sugiere que las variantes están siendo seleccionadas positivamente. Se requieren estudios más amplios y sistemáticos para conocer de forma integral las variantes genéticas del PRRSV prevalentes en el país, sus características antigénicas y clínicas. Igualmente, está por definirse las consecuencias de la circulación de cepas vacunales y sus variantes, así como la efectividad de esta.

Referencias

- 1.- Batista L et al. J Swine Health Prod. 2004. 12(4):170–175.
- 2.- Cano, J. P et al. Am. J. Vet. Res. 2007. 68:565–571.
- 3.- Nielsen, H. et al. J. Gen. Virol. 2001. 82:1263–1272.
- 4.- Shi M, et. al. Journal of Virology 2010. 84 (17): 8700–8711.