

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE SECUENCIAS DEL ORF5 DE PRRSV A TRAVÉS DE RFLP *IN SÍLICO* DEL 2007 AL 2016 EN MÉXICO.

*Uribe A¹, Pinal F¹, Esquer A¹, Centeno N¹, Ochoa J¹, Chávez JC¹, Mondaca, E²

¹Boehringer Ingelheim Vetmedica, ²Boehringer Ingelheim Vetmedica Inc. St Joseph, Mo

Palabras Clave: PRRSV, ORF5, RFLP. **Email:** jose_alberto.uribe@boehringer-ingelheim.com

Introducción

El síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRS) es una enfermedad distribuida en la mayoría de los países productores de carne de cerdo, incluyendo México¹. La enfermedad de PRRS es causada por un virus de la familia Arteriviridae. El genoma del virus de PRRS (PRRSV), en su envoltura viral tiene una composición compleja, donde podemos encontrar el ORF5 que es la más variable en el genoma². Actualmente la secuenciación del ORF5 es un método preciso para determinar la relación de las secuencias, sin embargo para facilitar la identificación de las variantes de PRRSV se utiliza el RFLP (Fragmentos de Restricción de Longitud Polimórfica). Este proceso consiste en utilizar enzimas que cortarán sitios específicos de la secuencia del virus, y se asignará un número a cada punto de corte (basado en el tamaño del fragmento producido)^{3,4}. El objetivo del trabajo consistió en el análisis bioinformático de secuencias del ORF5 de PRRSV para poder observar su presencia a través del RFLP *in silico*.

Materiales y Métodos

El estudio fue realizado usando 186 secuencias del ORF5 de PRRSV, de las cuales 140 están disponibles en NCBI (The National Center for Biotechnology Information), y las 46 secuencias restantes fueron trabajadas por Boehringer Ingelheim Vetmedica en 2015 y 2016. Las 186 muestras se analizaron en MEGA 6.0 para observar su identidad y dendrograma. Posteriormente se realizó un RFLP *in silico*, de acuerdo a los cortes de las enzimas Mlu I, Hinc II y Sac II, para finalmente realizar un análisis de la presencia de cada patrón de corte, del total de las secuencias reportadas en diferentes años.

Resultados y Discusión

Los resultados obtenidos en este estudio muestran la presencia de una alta diversidad de patrones de corte; en el año 2009, la variante 1-4-2, se presenta en 24.19% de los casos. Otra variante de gran interés para este estudio fue la 1-26-2, que en el año 2013 tuvo una presencia del 14.52% de los casos reportados. El análisis completo de los patrones de corte se muestra en la tabla 1.

Conclusión

El análisis filogenético y bioinformático del ORF5 permite reconocer las variantes de mayor diseminación a nivel nacional, con el fin de crear estrategias basadas en

bioseguridad y manejos estratégicos a nivel de granja, enfocadas en la reducción de la excreción y diseminación del agente. La implementación de un monitoreo continuo y estandarizado ayudará a un mayor entendimiento de la epidemiología del PRRSV en el país.

Tabla 1. Presencia de cortes RFLP *in silico*.

RFLP/ Año	2007	2009	2013	2014	2015	2016	Total	% Presencia
1-1-1		1					1	0.54%
1-1-2		6	1		1		8	4.30%
1-1-3					1	1	2	1.08%
1-1-4			1				1	0.54%
1-2-1		1					1	0.54%
1-2-2		14					14	7.53%
1-2-3		1			2		3	1.61%
1-2-4		6	1	1		1	9	4.84%
1-3-1		3					3	1.61%
1-3-2		5	10				15	8.06%
1-3-3		1					1	0.54%
1-3-5			5				5	2.69%
1-4-1					1		1	0.54%
1-4-2		45					45	24.19%
1-4-3		1					1	0.54%
1-4-4		4	3				7	3.76%
1-5-1		1					1	0.54%
1-5-4						1	1	0.54%
1-6-3	2					1	3	1.61%
1-7-2			1				1	0.54%
1-7-4						2	2	1.08%
1-8-1					1		1	0.54%
1-10-1						1	1	0.54%
1-10-2		2					2	1.08%
1-12-2					1	2	3	1.61%
1-16-1					1		1	0.54%
1-18-3					1		1	0.54%
1-19-2						1	1	0.54%
1-26-2			12		8	7	27	14.52%
1-37-2						2	2	1.08%
1-73-3					1		1	0.54%
1-76-3						1	1	0.54%
1-98-2					1		1	0.54%
2-1-10			1				1	0.54%
2-5-2		11			2	2	15	8.06%
2-5-3						1	1	0.54%
2-10-2					1		1	0.54%
2-71-2					1		1	0.54%
Total	2	102	35	1	23	23	186	100.00%

Referencias

1. Keffaber KK. 1989. Reproductive failure of unknown etiology. Am Assoc Swine Pract Newslett;1:1–10.
2. Meulenber J.J. 2000. PRRSV, the virus. Vet Res;31:11- 21.
3. Moormann RJ. 1993. Subgenomic RNAs of Lelystad virus contain a conserved leader-body junction sequence. J Gen Virol;74:1697-1701.
4. Wright D. 2013. Pork Checkoff Report Newsletter Article 7/13.