

# APLICANDO *DISEASE BIOPORTAL* PARA EL ANÁLISIS DE CASOS DEL VIRUS DE PRRS EN MÉXICO

Centeno N\*<sup>1</sup>, Uribe A<sup>1</sup>, Chévez JC<sup>1</sup>, Mondaca E<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Boehringer Ingelheim Vetmedica, <sup>2</sup>Boehringer Ingelheim Vetmedica, Inc., St. Joseph, Mo.

Palabras Clave: PRRSV, Epidemiología, Secuenciación

## Introducción

Para alcanzar el éxito en el control del Síndrome Respiratorio y Reproductivo Porcino (PRRS), es necesario trabajar a nivel regional (municipal, estatal o país), estableciendo programas de vacunación a base de virus vivo modificado, bioseguridad/biocontención y manejos estratégicos (ej.: cerrado de granja, aclimatación de reemplazos y McRebel). Estos proyectos de Control Regional de Enfermedades (CRE), han aportado gran valor en los últimos años a países como Estados Unidos<sup>1</sup>. Para medir los avances en los programas de control/erradicación del virus de PRRS, es importante analizar el comportamiento de las diferentes variantes a través de una plataforma epidemiológica. El objetivo de esta publicación es el demostrar cómo la plataforma *Disease Bioportal*<sup>2</sup> permite analizar, de manera expedita, cientos o miles de secuencias del virus de PRRS (PRRSV), en tiempo y espacio, así como muchas otras funciones de carácter epidemiológico.

## Materiales y Métodos

Entre noviembre del 2015 y mayo 2016 fueron secuenciadas un total de 46 muestras de diferentes regiones de la república: Jalisco (n=20), Michoacán (n=3), Sonora (n=18), y Puebla (n=5). A través de *Disease Bioportal*, se analizaron estas secuencias como parte de un programa piloto que está llevando a cabo Boehringer Ingelheim Vetmedica en México. El 100% de las granjas evaluadas se encontraban entre categoría I y categoría II-A<sup>3</sup>. *Disease Bioportal* requiere de 3 puntos básicos para la ejecución del programa: fecha de toma de muestra, localización geográfica del sitio y la cadena de nucleótidos (ORF5 o virus completo para PRRSV).

## Resultados y Discusión

Entre las diferentes funciones que ofrece *Disease Bioportal* se puede destacar:

- 1) Localización geográfica de las secuencias. Permite analizar la distribución a regional o nacional de las variantes de PRRSV, así como las posibles rutas de transmisión a lo largo del tiempo.
- 2) Número de casos por secuencia. Permite conocer la presencia de cada una de las secuencias en el territorio de interés.
- 3) Análisis de dendrogramas. Representación gráfica en forma de árbol o circular, que organiza las secuencias en subcategorías. Figura 1.

4) Gráficos de homologías/heterología entre variantes de PRRSV. Identidad que guarda una secuencia, comparándola contra otras.

5) Tablas de homología/heterología. Comparación de secuencias entre sí.

6) Gráficos de distancia. Distancia existente entre sitios en donde se encuentran variantes de interés.

7) Análisis de prevalencias de patrones de corte por RFLP a lo largo del tiempo.

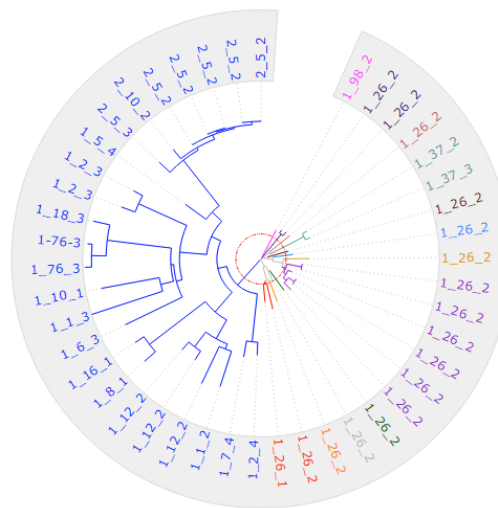


Figura 1. Dendrograma circular de secuencias de PRRSV.

## Conclusión

El análisis filogenético del PRRSV de muestras colectadas a lo largo del tiempo en una granja o región ha demostrado ser esencial para evaluar la efectividad de los programas de control/eliminación, así como determinar las rutas de transmisión<sup>4</sup>. Por su diseño, *Disease Bioportal* aporta un gran valor a los diferentes grupos regionales de México y el mundo, gracias a su poder de procesamiento de grandes bases de datos, lo que permite filtrar y realinear cientos o miles de secuencias en instantes.

## Referencias

1. Mondaca, E et al. 2014. Journal of Swine Health and Production: 84-88.
2. <http://bioportal.ucdavis.edu/>. Acceso 28 de Abril 2016.
3. Holtkamp, D et al. 2011. Journal of Swine Health and Production: 44-56.
4. Brar, MS et al. 2015. J Gen Virol.