

ANÁLISIS DEL SITIO DE ESCISIÓN DE LA PROTEÍNA DE FUSIÓN, ASOCIADA COMO FACTOR DE VIRULENCIA DEL RUBULAVIRUS PORCINO EN AISLAMIENTOS CON DIFERENTES CUADROS CLÍNICOS.

Lara Romero R^{1*}, Cuevas-Romero, S²., Rivera-Benítez, F²., Mendoza Elvira, S¹., Flores Rojas M¹., Berg, M³.
Ramírez-Mendoza, H⁴., Palabras Claves: RNA, Rubulavirus, Patogenicidad.

¹FESC-UNAM, Edo. Mex.; ²CENID-MA-INIFAP, México; ³Uppsala University, Sweden. ⁴FMVZ-UNAM, México.

Palabras claves: Análisis, proteína de fusión, virulencia, rubulavirus. **Email:** scuevas16@yahoo.com.mx

Introducción

La enfermedad del ojo azul, producida por el Rubulavirus porcino (PorPV) (1,2) ha sido asociada principalmente a tres cuadros clínicos, el neurológico, el respiratorio y el reproductivo. Desde su primera presentación a principios de los 1980, solamente se ha caracterizado el genoma completo de un aislamiento, el virus de La Piedad Michoacán, realizado en 1984. Estudios en aislamientos recientes, han reportado la circulación de tres variantes genéticas del PorPV asociado a cambios en la secuencia de diferentes proteínas del virus (1). El objetivo de este trabajo fue identificar las mutaciones en el sitio de escisión de la proteína F del PorPV en aislamientos reportados con cuadros clínicos diversos.

Material y Métodos

Se analizaron 11 aislamientos identificados como: PPMV/1980; PAC1/1990 (GenBank No. KP229773); PAC2/1990 (EF413172), PAC3/1992 (EF413173), PAC4/1993 (EF413174), PAC5/1995; PorPV/Mx/1/Jalisco/2007; PorPV/Mx/1/Guanajuato/2008 (KT007210); PorPV/Mx/1/Michoacán/2008 (KT007211); PorPV/Mx/2/Jalisco/2009 (KT007212); PorPV/Mx/3/Jalisco/2009; PorPV/Mx/3/Mich/2013 (KT007214). Los cuales han sido clasificados por sus características patológicas y manifestaciones clínicas. Se trabajaron las muestras para extracción de RNA, síntesis de cDNA, por lo que se utilizaron procedimientos convencionales y se amplificó el gen F, mediante el uso de primers específicos, utilizando el Master Mix PCR Assay Kit (Promega, USA). Las muestras de amplicones fueron purificadas y enviadas a secuenciar a Macrogen Europe, Netherlands, las secuencias fueron editadas y ensambladas con el programa SeqMan (Lasergene 9.1, DNASTAR). Las secuencias de consenso fueron comparadas con la base de datos del GenBank (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), NCBI (National Centre for Biotechnology Information). El análisis filogenético se realizó utilizando MEGA 5 software package (neighbour-joining algorithm) (3).

Resultados y Discusión

Los resultados indican que existe una alta conservación en el sitio de escisión de la proteína F en todos los aislamientos obtenidos de cerebro, independientemente de las características clínicas que se manifestaron en los cerdos infectados. Interesantemente un aislamiento

obtenido de pulmón, presentó mutaciones en los aminoácidos básicos del sitio de escisión. Este tipo de mutaciones resultan ser un determinante primario de la virulencia en algunos virus del género *Rubulavirus*, como es el caso del virus de Newcastle.

gi 180666 emb Y10803.1 Porcine rubulavirus F gene for fusion protein genomic f	A	I	L	S	P	I	A	E	N	L	N	L	I	S	T	A	L	R	E	Q	H	R	K	K	R	F	A	G
PAC 1
PPMV/1980
PAC 3
PAC 2
PAC 4
PAC 5

Conclusión

Los resultados obtenidos sugieren que mutaciones, en el sitio de escisión de la proteína F, podrían modificar la virulencia y patogenicidad del virus. No obstante, existen evidencias de la asociación de otros factores del virus, como se ha reportado en estudios *in vitro* de la cepa PAC3, que sugieren que el efecto citolítico está asociado con la actividad neuraminidasa que le permite al virus liberarse de la célula e inducir una infección sistémica (1). Sin embargo se requiere analizar un mayor número de aislamientos de diversos tejidos, para confirmar si estos cambios en la proteína F, están estrechamente relacionados a la patogenicidad y virulencia del Rubulavirus porcino.

Referencias bibliográficas.

1. Reyes-Leyva (2002). Mensaje Bioquímico, Vol. XXVI. UNAM
2. Wang, (2012). *Virus taxonomy*. 640-653
3. Tamura, (2011) *Molecular biology and evolution*. 28 (10): 2731-2739