

RELACIÓN FILOGENÉTICA DEL VIRUS DE INFLUENZA PORCINA H3N2 EN MÉXICO

Martínez-Mercado MJ, Sánchez-Betancourt I.

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia (FMVZ), Departamento de Medicina y Zootecnia de Cerdos (DMZC), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM)

Palabras clave: influenza, hemaglutinina, filogenia: Email: majosemm13@gmail.com

Introducción

La continua evolución de los *Influenzavirus A* (IVA) es responsable de brotes epidémicos anuales y de ocasionales pandemias, mismas que se han originado por la transmisión interespecie cerdo-humano o viceversa¹.

Tras la pandemia de influenza de 2009 ocasionada por un virus rearrreglante originado en el cerdo, en el DMZC se realizó el muestreo de granjas porcinas de la República Mexicana obteniendo 10 aislamientos de IVA de los subtipos H1N1 y H3N2 cuyo origen filogeográfico se desconoce. En este trabajo se propone realizar esta aproximación con el uso de recursos electrónicos desarrollados en años recientes; bases de datos de información genética y software para el análisis estadístico de la información, mediante la búsqueda y el análisis informático de secuencias de la hemaglutinina (HA) debido a que es la proteína antigénicamente más variable, centrándose en los virus de influenza porcina subtipo H3N2 comparándolos con secuencias de otros países de importancia comercial: EUA, Canadá y China,

Materiales y Métodos

Se analizaron 127 secuencias del segmento HA del subtipo H3N2 porcino de los cuatro países: México (7), EUA (Iowa) (60), Canadá (26) y Hong-Kong (China) (26), obtenidas del Influenza Research Database (IRD) a través de la página <http://www.fludb.org>. Se añadieron 8 secuencias de EUA y Asia de años anteriores para ajustar el árbol filogenético. La búsqueda se limitó al periodo de 2010 a 2015. El alineamiento múltiple se realizó en MUSCLE; la construcción del árbol genético se generó con BEAST v1.8.2 y su edición con FigTree v1.4.2.

Resultados y Discusión

En el árbol filogenético se distinguen dos ramas; en la primera se agrupan el 98% de secuencias de EUA, el 100% de canadienses y el 71% de las mexicanas, mientras que en la segunda se encuentran el 100% de las asiáticas y el 2% restante de EUA (Figura 1).

Las secuencias mexicanas incluidas en el cluster americano presentan un 96 % de homología respecto de la canadiense *A/swine/Manitoba/2010*. El resto de las mexicanas se integran en un clado separado de los otros dos, con un promedio de similitud del 90% contra todas las secuencias analizadas.

Debido al alto porcentaje de homología entre las secuencias norteamericanas se puede inferir que existe un flujo viral entre los tres países.

En 2010 se propone que la evolución y persistencia del subtipo H3N2 en humanos se debe a las dinámicas de

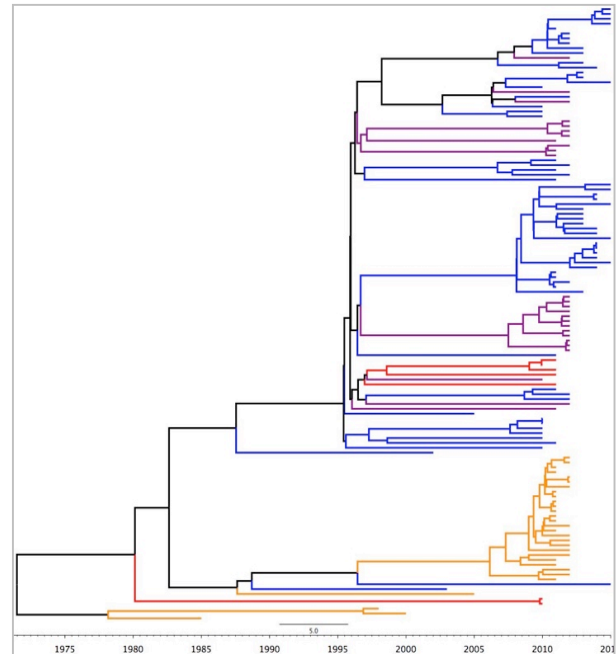


Figura 1. Relación filogeográfica de la HA H3N2 en México (rojo), EUA (azul), Canadá (morado) y China (amarillo).

migración global², estableciendo como fuente de diversidad viral a los países del sureste de Asia debido a la alta densidad poblacional y a las condiciones climáticas tropicales, bajo dicha premisa el comportamiento en cerdos podría ser similar ya que China es el principal exportador de productos de origen porcino en el mundo así como el país con el mayor número de cerdos³.

Conclusiones

El alto porcentaje de identidad de las secuencias de HA H3N2 mexicanas con las del cluster americano, establecen su origen filogeográfico a partir de los virus circulantes en EUA y Canadá, mientras que las americanas no se asocian filogenéticamente con las asiáticas.

Referencias bibliográficas

1. Kasowski EJ. (2011). *Clin Infect Dis* , 52 (1), S44–S49.
2. Bedford T, et al. (2010). *Plos Pathogens*, 6 (5).
3. Nelson M, et al. (2015). *Nature Communications*, 6 (6696).