



CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL CIRCOVIRUS PORCINO 2 (PCV2) EN JALISCO, MÉXICO.

Galindo-Barboza A.J.^{1*}, Rivera-Benítez J.F.², De La Luz-Armendáriz J.³, Saucedo-Cerecer S.⁴, Javalera-Castro K.⁴, Ramírez-Moran L.⁴, Álvarez-Aguilar J.V.⁴, Garibaldi-Enríquez H.⁴, Vázquez-Huerta A.R.⁴ y De Alba-Campos J.E.⁵

¹Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Doctorado en Ciencias de la Producción y de la Salud Animal, UNAM. ²Laboratorio de Virología, Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Salud Animal e Inocuidad, INIFAP. ³Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM. ⁴Comite Estatal para el Fomento y Protección Pecuaria en el Estado de Jalisco, CEPPP. ⁵Unión Regional de Porcicultores de Jalisco, URPJ.

*Alberto Jorge Galindo Barboza; aljogaba@gmail.com; * José Francisco Rivera Benítez; rivera.francisco@inifap.gob.mx

Introducción.

El PCV2 es el agente causal del síndrome del desmedro multisistémico posdestete y afectaciones reproductivas en hembras. El ORF2 codifica la proteína de la cápside que está involucrada en la respuesta inmune del cerdo. Debido a su tasa de mutación y a la presión selectiva ejercida por la inmunidad del cerdo y las estrategias de control, el ORF2 ha mostrado una gran diversidad en el tiempo permitiendo la aparición de diferentes genotipos predominantes en distintos periodos y regiones [1]. El análisis filogenético del ORF2 es clave en la vigilancia epidemiológica del virus y monitoreo de su evolución. El objetivo del presente estudio fue analizar la variabilidad genética de PCV2 en granjas de Jalisco, México, como parte de un esfuerzo por correlacionar su diversidad con la productividad.

Materiales y métodos.

En Jalisco, 80 granjas comerciales participaron en el estudio, distribuidas en cuatro regiones conforme a la densidad animal, estas granjas pertenecen al programa "Sanidad Jalisco" de la URPJ. Un total de 4,207 muestras de suero fueron tomadas, 3,802 de cerdos sin signos clínicos y 405 con signos relacionados al virus. Por granja se obtuvieron 60 muestras, distribuidas por etapa productiva; cerdos en lactancia, destete, crecimiento, desarrollo, finalización y hembras gestantes. Las muestras se agruparon en pools de 5 (12 pools/granjas). De cada pool (n=844) se realizó la extracción de DNA mediante columnas con el kit QIAwave® DNA Blood & Tissue Kit (QIAGEN, Cat. No. 69556). Los DNAs se analizaron por qPCR para detectar el ORF2 empleando el kit QuantiTect® Probe PCR Kit (QIAGEN, Cat. No. 204345), con la finalidad de identificar las muestras positivas, consideradas así aquellas con un Ct <35. Las muestras que presentaron un Ct <30, fueron seleccionadas para la amplificación del ORF2 (765 pb) por PCR punto final con el kit GoTaq Green® (PROMEGA, Cat. No. M7122). Se utilizaron oligos y sondas reportadas previamente [2] adaptando la metodología. Las muestras amplificadas fueron purificadas mediante el kit QIAquick® PCR Purification (QIAGEN, Cat. No. 28106) y secuenciadas por el método Sanger. Las secuencias fueron ensambladas y analizadas con el software MEGA versión 11.

Resultados.

La frecuencia relativa de positivos (Ct<35) fue: para cerdos en lactancia 15.4%, destete 24.8%, crecimiento 37.3%, desarrollo 39.5%, finalización 31.7% y cerdas lactantes 14.3%. Por región, de 39.9% para B2, 37.7% B1, 24% A, y 18.39% en B3. La región

con la mayor densidad animal es la B2 y la de menor la A (261.65 y 9.46 cerdos/km²). Se obtuvieron 72 secuencias del ORF2.

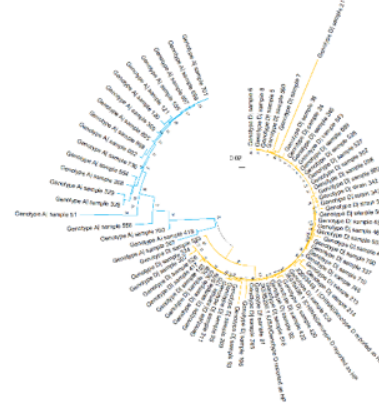


Figura 4 Análisis filogenético del ORF2 del PCV2 de las secuencias obtenidas, construido mediante el método de Neighbor-Joining con 1000 bootstrap. Las distancias evolutivas se calcularon con MEGA 11 utilizando el método de Tamura de 3 parámetros con una distribución gamma (0.45).

Discusión

Del total de secuencias obtenidas, el 29% correspondió al genotipo A y el 71% al genotipo D. Dentro de este último, se identificaron variantes con alta similitud a cepas patógenas reportadas [3], además se destaca el carácter emergente y la prevalencia creciente de este genotipo tiene en estados como Puebla, Querétaro, Michoacán y Morelos [4]. Estos hallazgos refuerzan la relevancia de la vigilancia genética y epidemiológica como herramienta clave para ajustar las estrategias de control en las granjas.

Conclusiones.

Se confirma el predominio del genotipo D; sin embargo, es necesario correlacionar los genotipos detectados con el historial clínico de cada granja para dimensionar su impacto sanitario.

Agradecimientos

FONSEC SADER-CONACYT 2017-06-292826 (SIGI: 1281834685).

Referencias bibliográficas.

[1]. Franzo and Segalés. (2018). PLoS ONE 13 (12): e0208585. [2]. Rivera-Benítez et al. (2024). 27th IPVS congress. Pp 304. [3]. Wang et al. (2020). Transboundary and Emerging Diseases, vol. 67, no. 3, pp. 1284–1294. [4]. De la Luz-Armendáriz et al. (2020). 25th IPVS congress. Pp 843.

Palabras claves.

PCV2, Genotipos, Jalisco.

