

PRIMER ANÁLISIS DE UNA SECUENCIA COMPLETA DEL GEN VP2 DE UNA CEPA LOCAL DE PARVOVIRUS PORCINO

Rodríguez MG¹, Galetto LD^{2,3}, Aspitia CG⁴, Colina SE^{2,4}, Metz GE^{2,4}, Cappuccio JA^{2,3}, Echeverría MG^{2,4}, Serena MS^{2,4}, Gallo Calderón MB¹

(1) Instituto de Ciencia y Tecnología Dr. Cesar Milstein, CONICET, Saladillo, 2468, C1440FFX, Ciudad Autónoma de Buenos Aires. (2) CONICET. (3) Grupo Sanidad Animal, EEA Marcos Juárez, INTA, Marcos Juárez, Córdoba. (4) Cátedra de Virología, Centro de Microbiología Básica y Aplicada, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina.

INTRODUCCIÓN

El **Parvovirus Porcino (PPV)** es uno de los agentes infecciosos más importantes que se asocia a fallas reproductivas en granjas porcinas a nivel mundial. En los últimos años se ha reportado una variación genética entre las cepas de campo y las cepas de referencia y/o vacunales. La variabilidad genética de los aislamientos ha sido demostrada en la proteína VP2 lo que determina la presencia de variantes o tipos antígenicos diferentes.

OBJETIVO

Amplificar por PCR el gen completo de la VP2 de una cepa local y analizar la secuencia respecto a cepas vacunales y de referencias publicadas en el Genbank.

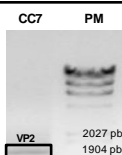
MATERIALES Y MÉTODOS

A partir del ADN extraído de la cepa autóctona CC7 se realizó la amplificación por PCR del gen VP2. El fragmento obtenido (1740 nt) fue purificado y clonado en el pGEM®-T Easy Vector. Luego de la transformación de bacterias *E. Coli* DH5 competentes, se obtuvo el ADN plasmídico, el cual fue secuenciado.

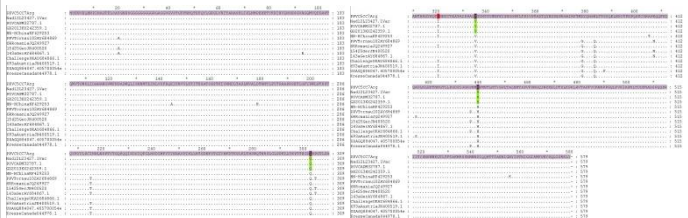
RESULTADOS

Detección por PCR del gen completo de la proteína VP2

Corrida electrolítica en gel de agarosa al 1%.
PM: λ Hind. **CC7:** producto de PCR del gen VP2.



Alineamiento aa de la VP2-CC7 con cepas de distintos orígenes.
 La secuencia muestra tres cambios únicos (Q303L, V335G, H440N) y un cambio presente también en otras cepas salvajes (I321T).



Análisis de restricción con la enzima NotI.

PM: λ Hind. **C+:** VP2 de PVC. **1, 2 y 3:** clones pGEMT-VP2 CC7.



Análisis filogenético.
 Método Maximum Likelihood, modelo Kimura 2-parameter.



CONCLUSIONES

- ✓ Los resultados obtenidos coinciden con lo expuesto por otros autores en lo que respecta a la alta homología detectada entre cepas de campo y vacunales.
- ✓ En este trabajo se pudo clonar el **gen completo de la VP2** y obtener por primera vez en nuestro país su secuencia completa.
- ✓ Se pone en evidencia la necesidad de realizar un análisis más exhaustivo, no sólo de la misma cepa sino de otras nacionales e internacionales para permitir el estudio de la variabilidad genética entre cepas y la posible asociación con los cuadros reproductivos.