

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS
Departamento de Patología y Medicina Preventiva



**EVOLUCIÓN GENÉTICA TEMPORAL DEL VIRUS DEL SÍNDROME
RESPIRATORIO Y REPRODUCTIVO PORCINO (PRRSV) EN CHILE**

**TRABAJO DE TITULACIÓN PRESENTADO
A LA FACULTAD DE CIENCIAS
VETERINARIAS DE LA UNIVERSIDAD DE
CONCEPCIÓN, PARA OPTAR AL TÍTULO
DE MÉDICO VETERINARIO**

JUAN EDUARDO MENA VÁSQUEZ
CHILLÁN – CHILE
2015

I. RESUMEN

EVOLUCIÓN GENÉTICA TEMPORAL DEL VIRUS DEL SÍNDROME RESPIRATORIO Y REPRODUCTIVO PORCINO (PRRSV) EN CHILE

TEMPORAL GENETIC EVOLUTION OF PORCINE REPRODUCTIVE AND RESPIRATORY SYNDROME VIRUS (PRRSV) IN CHILE

El objetivo de éste estudio fue realizar una caracterización de la evolución genética temporal de las cepas circulantes del brote 2013 del virus del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSV) durante un período de 10 meses (Octubre del año 2013 hasta Agosto del año 2014) en Chile. Se procesaron 2870 muestras de suero porcino mediante la técnica de qRT-PCR, obteniendo 414 muestras positivas (14,4%), para luego amplificar mediante la técnica de RT-PCR y secuenciar la región ORF5 del PRRSV de 17 muestras de suero pertenecientes a cada uno de los brotes detectados por el SAG, y así caracterizarlos filogenéticamente. Además, se realizó aislamiento viral en cultivo celular utilizando células MARC-145, obteniendo dos aislados, uno del inicio del brote y el otro del final del período del estudio. Se detectó PRRSV en las Regiones Metropolitana, del Libertador General Bernardo O'higgins y Bio Bio de Chile y presentaron 86,9% a 87,4% y 64,0% a 64,8% de similitud genética al ser comparada con los aislados de referencia VR-2332 y Lelystad, respectivamente. Mediante el análisis de los porcentajes de identidad y árboles filogenéticos, las cepas chilenas están relacionadas y agrupadas con la cepa MN-184 y cepas relacionadas a ésta, además de presentar una estrecha relación con la cepa ciad446 del Estado de Sonora, México. La variación tanto nucleotídica como aminoacídica de las cepas chilenas fue de 1,5%, focalizándose las sustituciones en el endominio y ectodominio de la GP5. Las cepas chilenas del brote 2013 del PRRSV pertenecen al linaje 1 del PRRSV tipo II basado en la clasificación filogenética realizada por Shi *et al.*, 2010. Se sugiere que el virus se introdujo desde cerdos de traspatio a la población porcina nacional.