UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS

Departamento de Patología y Medicina Preventiva



PRIMER AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN FILOGENETICA DEL VIRUS

DE LA ARTERITIS VIRAL EQUINA A PARTIR DE MUESTRAS DE Equus

africanus asinus DE LA REGION DE ATACAMA, CHILE

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

JOSÉ FELIPE ANTONIO RIVAS TRONCOSO

CHILLÁN – CHILE

2016

I. RESUMEN

PRIMER AISLAMIENTO Y CARACTERIZACIÓN FILOGENETICA DEL VIRUS DE LA ARTERITIS VIRAL EQUINA A PARTIR DE MUESTRAS DE Equus africanus asinus DE LA REGION DE ATACAMA, CHILE

FIRST ISOLATION AND PHYLOGENETIC CHARACTERIZATION OF EQUINE ARTERITIS VIRUS OF THE SAMPLE *Equus africanus asinus* FROM ATACAMA REGION, CHILE

El objetivo de este estudio fue aislar y caracterizar filogenéticamente el virus de la Arteritis Viral Equina (AVE), desde muestras de burros (*Equus africanus asinus*) serológicamente positivos, provenientes de la Región de Atacama, Chile. Se procesaron muestras de corazón, pulmón, riñón, testículos, conducto deferente, epidídimo, próstata y vesícula seminal pertenecientes a 2 animales, la muestra de conducto deferente fue positiva a la técnica de RT-PCR para los segmentos ORF5, ORF6 y ORF7 las que posteriormente fueron secuenciadas. Además, se realizo aislamiento viral en cultivo celular utilizando la línea celular RK-13, del que se obtuvo un aislado. La cepa Chilena denominada cepa Atacama presentó una similitud nucleotídica 64,9% y aminoacídica 81,4% al compararla con la cepa de referencia Bucyrus. Mediante el análisis de porcentajes de identidad y la confección de árboles filogenéticos, se evidenció que el aislado chileno es una cepa nueva, ya que no hay reportes anteriores de un aislado con estas características genética que además, se encuentra muy alejada filogenéticamente de las cepas de referencia descritas en la literatura. La cepa Atacama se relacionó con aislados de asnales sudafricanos (J1-931125) presentando una similitud nucleotídica de 78,6% y aminoacídica de 93,1%, lo que la clasificaría dentro del subgrupo Europeo-2 según Zhang et al, (2007).

Palabras clave: Aislamiento Viral, Análisis Filogenético, ORF5.