

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



**ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE PARVOVIRUS CANINO TIPO 2 EN PERROS
CURSANDO GASTROENTERITIS AGUDA EN LA CIUDAD DE CHILLÁN,
CHILE**



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

PAMELA IVONNE ANIÑIR CIFUENTES
CHILLÁN - CHILE

2018

I. RESUMEN

ANALISIS FILOGENÉTICO DE PARVOVIRUS CANINO TIPO 2 EN PERROS CURSANDO GASTROENTERITIS HEMORRÁGICA EN LA CIUDAD DE CHILLÁN, CHILE

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF CANINE PARVOVIRUS TYPE 2 IN DOMESTIC DOGS CURSING ACUTE GASTROENTERITIS IN THE CITY OF CHILLÁN, CHILE

El objetivo de este estudio fue caracterizar y analizar por primera vez en Chile las secuencias de las variantes circulantes de parvovirus canino tipo 2 obtenidas desde muestras fecales de perros cursando gastroenteritis aguda. Se analizaron 50 muestras recolectadas desde pacientes hospitalizados en el Hospital Clínico Veterinario de la Universidad de Concepción, Chillán. Una vez extraído el material genético, se sometió a análisis por PCR, y las extracciones de ADN de las muestras positivas se enviaron al Laboratorio de Genética Evolutiva de la Universidad de la República, Uruguay, para su análisis por RFLP, amplificación de VP2 y secuenciación. El análisis filogenético se realizó utilizando el programa MEGA de análisis bioinformático, y la construcción de árboles fueron basados en el método "Maximum Likelihood". Se obtuvieron 25 muestras positivas por técnica de PCR, de las cuales 15 de ellas fueron caracterizadas por RFLP como CPV-2c. En la secuenciación, todas conservaron los cambios aminoacídicos con respecto al CPV-2 original, y la presencia del residuo E426 confirma a todas las secuencias como 2c. Todas las secuencias además presentan la mutación Ser297Ala, mientras que en cuatro de ellas se identificó la mutación Thr440Ala. Las secuencias chilenas fueron agrupadas dentro del linaje 2c Europeo/Sudamericano en la realización del árbol, indicando un origen en común.

Palabras clave: parvovirus, gastroenteritis aguda, análisis filogenético

II. SUMMARY

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF CANINE PARVOVIRUS TYPE 2 IN DOMESTIC DOGS CURSING ACUTE GASTROENTERITIS IN THE CITY OF CHILLÁN, CHILE

The aim of this study was to characterize and analyze for the first time in Chile circulating canine parvovirus type 2 strains obtained from fecal samples of dogs cursing acute gastroenteritis. Fifty samples were retrieved from hospitalized dogs at the Veterinary Hospital of the University of Concepción, Chillán. Once the genetic material was extracted, PCR was performed and positive samples were sent to the Laboratory of Evolutionary Genetics at the University of the Republic, Uruguay, for RFLP essay, VP2 amplification and sequencing. Phylogenetic analysis were performed by the MEGA software of bioinformatic analysis, and tree construction was based off the “Maximum Likelihood” method. Out of the fifty samples, twenty-five were positive by PCR, and fifteen of them were characterized as 2c by RFLP. Sequencing showed that all strains preserved aa changes with respect to the original CPV-2 strain, and the presence of the E426 residue confirms all sequences as 2c. Furthermore, Chilean strains show relevant changes along the VP2 gene, with the presence of mutation Ser297Ala in all strains, while Thr440Ala was present in four of them. Chilean strains were grouped under the European/South American 2c lineage in the phylogenetic tree, indicating a common origin.

Key words: parvovirus, acute gastroenteritis, phylogenetic analysis.