

TESIS DEFENDIDA EN OPCIÓN AL TÍTULO DE MÁSTER EN MICROBIOLOGÍA VETERINARIA
**Análisis molecular y filogenético basado en el gen de la glicoproteína
de la espícula (S) de coronavirus bovino**

**Molecular and phylogenetic analysis based on the spicule glycoprotein gene
of bovine coronavirus**

Lic. Nadia Martínez Marrero

Lugar: Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), Apartado 10, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba

Fecha: 29 de marzo de 2012

El coronavirus bovino ha sido asociado con la diarrea en terneros recién nacidos, la disentería de invierno en adultos y las infecciones de las vías respiratorias en los terneros y ganado de engorde. En el presente trabajo, se llevó a cabo un análisis molecular de las cepas de campo cubanas de coronavirus bovino colectadas entre 2009 y 2011. Además, se realizaron comparaciones filogenéticas basadas en diferentes marcadores moleculares del gen de la proteína S. El ruido filogenético de cada conjunto de datos se investigó por medio de mapeo de verosimilitud, ninguno de los conjuntos de datos mostró más del 30% de ruido lo que permite el uso de la región hipervariable en S1, S1 o el gen S completo para inferir parentesco. Todas las cepas de coronavirus bovino cubanas se localizaron en un mismo grupo con un soporte estadístico del 100% de *bootstrap* y 1.00 de probabilidad posterior. Las cepas de coronavirus bovino cubanas se localizaron también en el mismo grupo junto con las cepas de Estados Unidos con número de acceso en el GenBank EF424621 y EF424623, lo que sugiere un origen común. Este grupo filogenético también fue el único grupo de secuencias en las que al menos un evento de recombinación simple no fue detectado. A partir de los 45 cambios de aminoácidos encontrados en las cepas cubanas, cuatro eran únicos y el polimorfismo N1285K, situado en la región *heptad repeat*, podría estar involucrado en cambios en la replicación o ser un marcador para la transmisión entre especies.