

SÍNTESIS DE TESIS DEFENDIDA EN OPCIÓN AL GRADO DE MÁSTER EN MICROBIOLOGÍA VETERINARIA

Caracterización molecular y análisis filogenético espacial y temporal de la región hipervariable del gen VP2 del virus de la Enfermedad Infecciosa de la Bolsa

Molecular Characterization and Spatiotemporal Phylogenetic Analysis based on the VP2 Hyper-Variable Region of Infectious Bursal Disease Virus

Dr. MV. Abdulahi Alfonso Morales

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

Fecha: enero de 2013.

La enfermedad de Gumboro es considerada una de las enfermedades de mayor importancia para la industria avícola mundial, debido a las pérdidas que ocasiona, tanto por su mortalidad como por su efecto inmunosupresor en pollos menores de tres semanas de edad, ocasionando fallas vacunales e infecciones oportunistas. En nuestro país no se han realizado estudios para la caracterización molecular de las cepas de IBDV que han circulado en Cuba en las últimas dos décadas, por lo que se desconoce las variaciones espaciales y temporales de este virus, su diversidad genética y las características moleculares de las cepas de campo circulantes. El aporte de esta investigación permitiría mejorar el programa de control establecido para esta enfermedad, al contar con las bases moleculares para la adquisición o diseño de vacunas más efectivas, mejorar el programa de vacunación, lograr entender mejor la epidemiología molecular de IBDV y el diseño de metodologías diagnósticas sobre bases moleculares actualizadas. De ahí, la necesidad de conocer la diversidad genética en el tiempo y las características moleculares de los virus que han circulado en Cuba en los últimos 20 años, por lo que nos propusimos, como objetivo de este trabajo, determinar la diversidad genética y las características moleculares de la región hipervariable de las cepas de Gumboro que han circulado en Cuba en los últimos 20 años, el posible origen de las mismas y su patrón de difusión temporo-espacial. Para esto, a través del RT-PCR y secuenciación, obtuvimos un total de 44 secuencias de la región hipervariable del gen VP2, que fueron caracterizadas molecularmente buscando marcadores de tropismo, virulencia y patogenicidad. A este grupo de secuencias se le aplicaron metodologías para inferencia filogenética, estudios filodinámico de las poblaciones virales, análisis filogeográficos y de presión de selección. Como resultado de este trabajo se pudo determinar que en Cuba, en los últimos 20 años, han estado circulando tanto cepas atenuadas como muy virulentas; estas últimas poseen una gran diversidad genética que les ha posibilitado divergir en dos diferentes linajes; sin embargo, esta diversidad ha ido progresivamente disminuyendo. Se pudo demostrar que el origen del virus en el país es diverso, con una introducción inicial a finales de la década del 70, posiblemente a causa de la importación de animales desde la URSS en 1978 y de las cepas muy virulentas en la década de los 90; siendo desde Bélgica/Holanda la ruta más probable para la introducción de las mismas, resaltando la importación de animales procedentes de Holanda en 1993 como la fuente más probable para este evento. Se observó que el patrón de difusión del virus por el país es homogéneo, con un comportamiento endémico, pero con variación hacia un comportamiento epidémico durante los años 1996-1997, 2006 y 2010, causados estos dos últimos por la emergencia de un nuevo linaje GII en las cepas muy virulentas circulantes. Además, se pudo constatar que en las cepas cubanas, tanto en las atenuadas como en las muy virulentas, se encontraron mutaciones asociadas a cambios con la patogenicidad y el tropismo; en las cepas muy virulentas se localizaron, además, mutaciones relacionadas con el mantenimiento de la estructura de la cápsida viral y su estabilidad y se pudo demostrar que las cepas de virus en Cuba evolucionan con una tasa de variación mayor que las cepas del resto del mundo; relacionado este fenómeno con los procesos de micro evolución que se facilitan en las islas, dada la carencia de flujo genético, donde la evolución del virus en el país ha estado regida, además, por la deriva génica como proceso de ventaja evolutiva ante la ausencia de eventos de cuello de botella o de presión de selección positiva, generados por la vacunación.