

# **Primer análisis de la secuencia completa del gen VP2 de una cepa local de parvovirus porcino**

**MARÍA GABRIELA RODRÍGUEZ<sup>1</sup>, LEONARDO D. GALETTO<sup>2,3</sup>, CAROLINA GABRIELA ASPITIA<sup>4</sup>, SANTIAGO EMANUEL COLINA<sup>2,4</sup>, GERMÁN ERNESTO METZ<sup>2,4</sup>, JAVIER ALEJANDRO CAPPUCCIO<sup>2,3</sup>, MARÍA GABRIELA ECHEVERRÍA<sup>2,4</sup>, MARÍA SOLEDAD SERENA<sup>2,4</sup> Y MARINA GALLO CALDERÓN<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Instituto de Ciencia y Tecnología «Dr. Cesar Milstein», Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

<sup>2</sup> Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

<sup>3</sup> Grupo Sanidad Animal, Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez (EEA-INTA Marcos Juárez). Marcos Juárez, Córdoba, Argentina

<sup>4</sup> Cátedra de Virología, Centro de Microbiología Básica y Aplicada, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

[marinagallocalderon@yahoo.com.ar](mailto:marinagallocalderon@yahoo.com.ar)

El parvovirus porcino (PPV) es uno de los agentes infecciosos más importantes que se asocia a fallas reproductivas en granjas porcinas. En Argentina, como en otros países donde la producción porcina es de importancia económica, estas fallas son un gran problema. El PPV es un virus con genoma ADN monocatenario (cadena negativa) de aproximadamente 5000 nt. La cápside es icosaédrica, no envuelta y está formada por copias múltiples de VP1, VP2 y VP3. En los últimos años, se viene reportando una variación genética entre las cepas de

campo y las cepas de referencia y/o vacunales. Además, se sabe que las cepas de PPV se pueden distinguir por su diferente patogenicidad; las sustituciones de pocos residuos en la VP2 (D378G, H383Q y S436P), son responsables de las distintas propiedades biológicas entre las cepas NADL-2 y Kresse (vacuna y salvaje, respectivamente). El objetivo de este trabajo fue amplificar por PCR el gen completo de la VP2 de una cepa local y analizar la secuencia respecto de cepas vacunales y de referencias publicadas en el Genbank. A partir del ADN extraído de la cepa autóctona CC7, aislada de un feto porcino, se logró amplificar por PCR el gen VP2. El fragmento obtenido (1740 nt) fue clonado en el pGEM®-T Easy Vector y secuenciado. La secuencia obtenida muestra un 99,66 % de homología con la cepa GD2013 de origen chino y con las cepas vacunales NADL-2 y POVCAP. Asimismo, el análisis de la secuencia aminoacídica muestra tres cambios únicos (Q303L, V335G, H440N) y un cambio que se encuentra también en otras cepas salvajes (I321T). Estudios previos realizados en nuestro país, se basan en la amplificación de un fragmento de 619 bp del gen de la VP2 para la caracterización molecular. En este trabajo, se pudo obtener, por primera vez en Argentina, su secuencia completa. Los resultados obtenidos coinciden con los de otros autores en lo que respecta a la alta homología entre cepas de campo y vacunales. Estos resultados evidencian la necesidad de realizar un análisis más exhaustivo de la variabilidad genética entre cepas y la posible asociación con los cuadros reproductivos.

**Palabras clave:** parvovirus porcino, VP2, secuencia, Argentina.