

FILOGENIA DE CEPAS DE METAPNEUMOVIRUS HUMANO EN POBLACIÓN INFANTIL DE LA CIUDAD DE CÓRDOBA DURANTE EL AÑO 2011



PE Rodríguez, MC Frutos, C Cuffini, JA Cámara, A Cámara.

pamelaerodriguez@outlook.com.ar

Instituto de Virología "Dr. J. M. Vanella". Facultad de Ciencias Médicas. UNC, Argentina.



INTRODUCCIÓN

Metapneumovirus humano (MPVh) es un agente viral causante de infección respiratoria de reciente descubrimiento. El genoma de éste virus está constituido por ocho genes: 3'-N-P-M-F-M2-SH-G-L-5'.

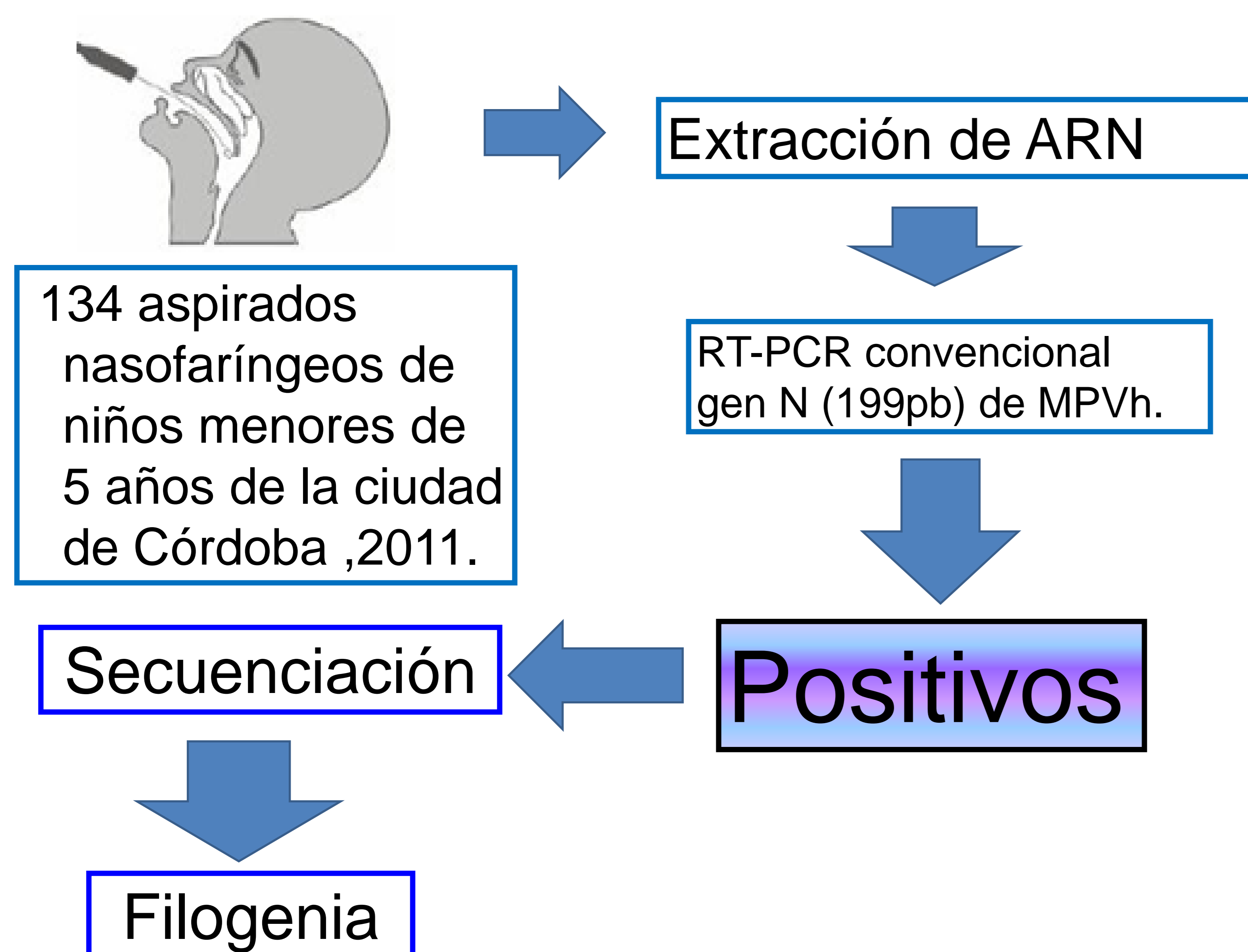
Análisis filogenéticos han demostrado la presencia de dos grupos genéticos, A y B, los cuales se subdividen en dos grupos 1 y 2. La diversidad entre A y B está dada principalmente por las proteínas SH, G Y F, siendo la proteína F la más conservada.

En Argentina Galiano y col. 2006, determinaron la presencia de los subtipos A1, A2 y B1, por análisis de las proteínas F y G.

Velez Rueda (2013) demostró que A2 y B2 co-circularon entre 2009-2010, mientras que en el 2011 solo circuló MPVh A2.

No conocen los grupos genéticos circulantes en Córdoba, Argentina por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue detectar e identificar filogenéticamente secuencias de MPVh en niños menores de 5 años de edad de la ciudad de Córdoba durante el año 2011.

MATERIALES Y MÉTODOS



RESULTADOS

Se detectó ARN de Metapneumovirus humano en el 57% de las muestras analizadas.

Se comprobó la identidad de las muestras positivas por secuenciación y se determinó el genotipo al cual pertenecen. Las secuencias de nuestros pacientes agruparon junto con las MPVh A2.

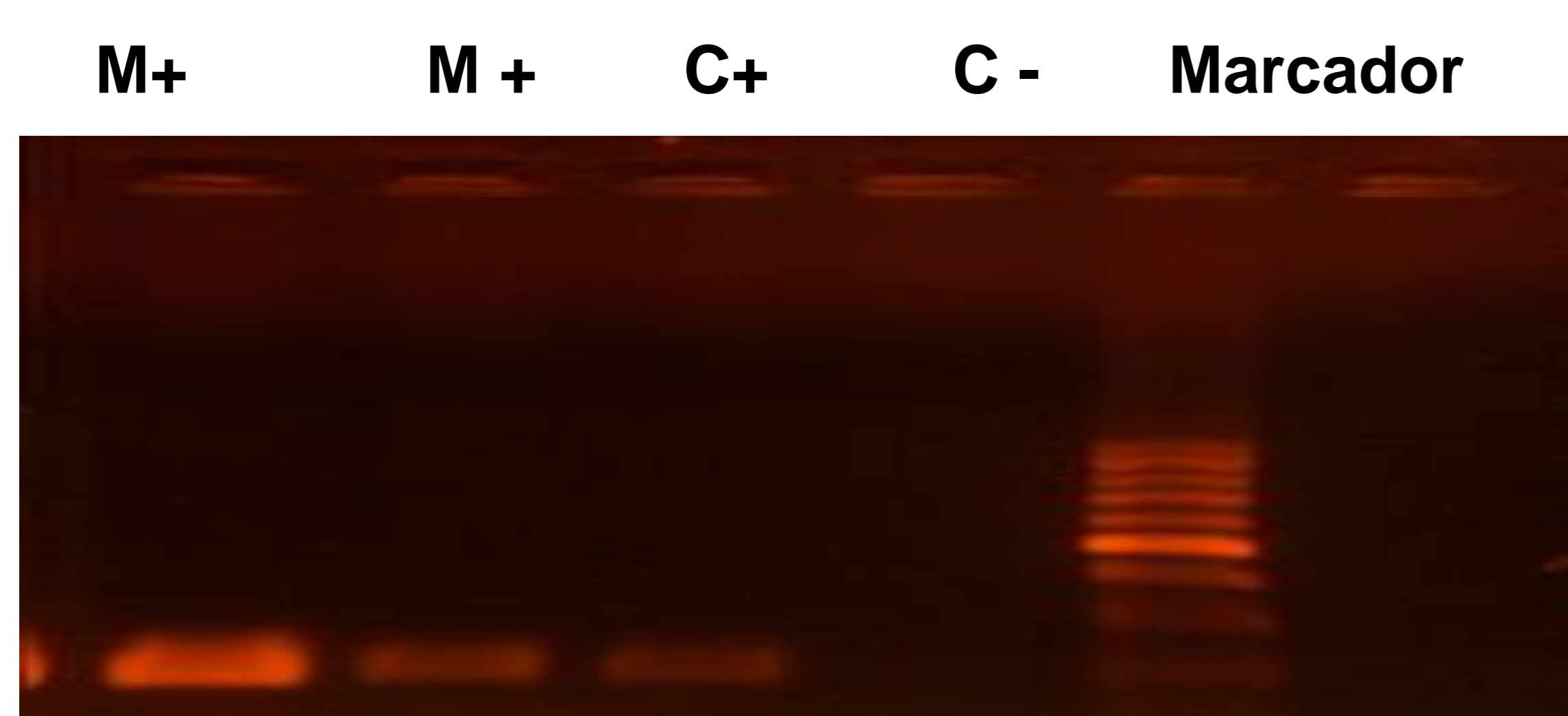


Fig 1. RT-PCR convencional para la región del gen N (199pb) de MPVh.

M+: muestras positivas. C+: control positivo. C-: Control negativo y Marcador de peso molecular.

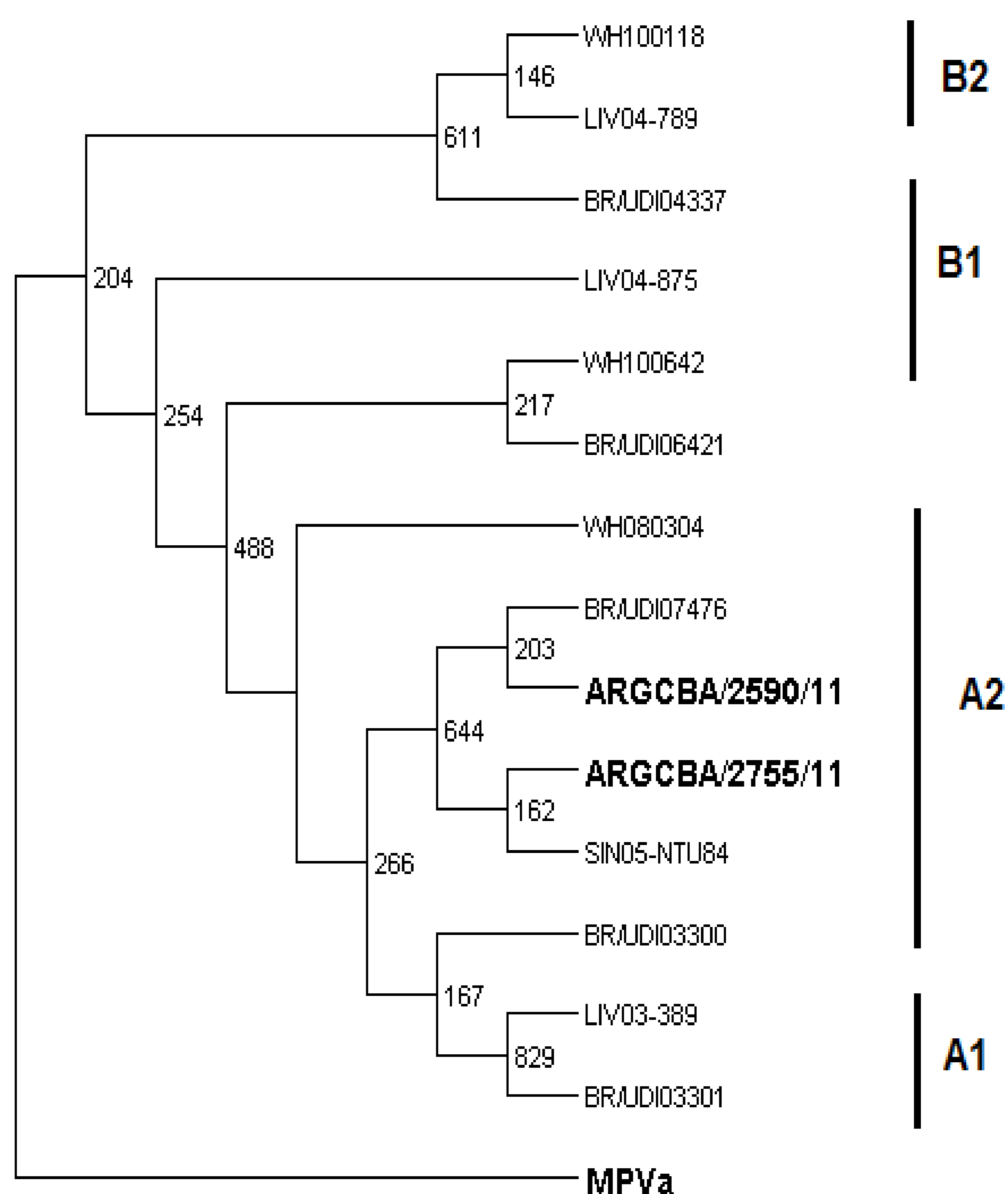


Fig. 2: Análisis filogenético del gen N de Metapneumovirus humano (199pb) de los aislamientos argentinos construido por Maximun Likelihood (PhyML software), usando TIM2-G con parámetros sugeridos por JModelTest 3.7, con bootstraps y 1000 pseudoreplicas. MPV aviar se utilizó para enraizar el árbol. Las cepas pertenecientes a este estudio son iniciadas por ARGCBA.

CONCLUSIONES

- Estos resultados indican circulación de MPVh en población infantil de la ciudad de Córdoba durante el año 2011.
- Este estudio es primero que realiza en Córdoba utilizando esta metodología.
- Nuestros resultados indican circulación del genotipo A2 en esta población de niños de Córdoba.
- Son necesarios más estudios y análisis filogenéticos para profundizar en el origen y diversificación de estos patógenos en nuestra provincia y país. Así mismo, es necesaria la implementación de programas de vigilancia molecular para la detección de este virus, a fin de realizar detección precoz de posibles brotes, mediante un diagnóstico diferencial y evaluar su impacto en la salud pública.