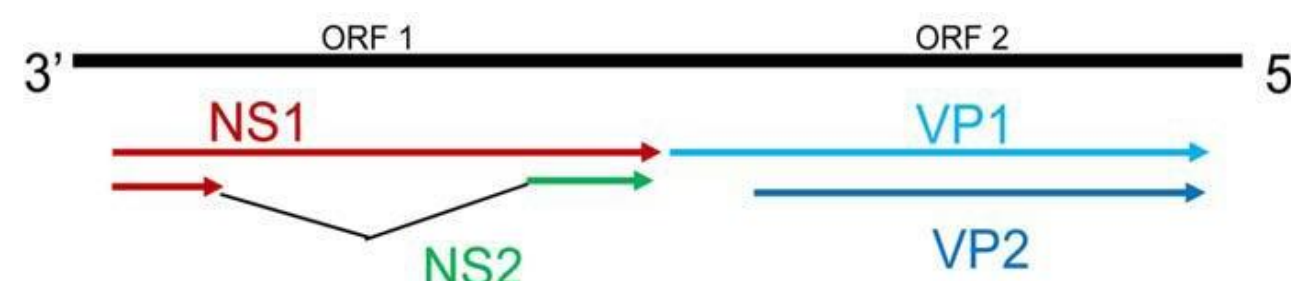


Introducción

→ Parvovirus canino (CPV) es el agente causal de la parvovirus canina, una de las enfermedades infecciosas más relevantes en los canes domésticos y silvestres, caracterizada por causar gastroenteritis hemorrágica y altas tasas de mortalidad. Es un virus con un genoma de ADN simple hebra lineal de 5,2 kb de polaridad negativa, que codifica tanto proteínas estructurales (VP1/VP2) como no estructurales (NS1/NS2) (1).



→ El CPV surgió a fines de los años 70 tras un salto interespecífico de un virus relacionado, el virus de la panleucopenia felina u otro similar que infectaba silvestres, hacia los perros, un evento que requirió pocos cambios genéticos en la proteína de capsido VP2(2). La variante original (CPV-2) se propagó rápidamente a nivel mundial, provocando una pandemia entre los perros (3). En 1979 surgió una nueva variante, CPV-2a, la cual estableció un nuevo linaje que reemplazó a la cepa original en apenas dos años y dio origen a las variantes genéticas/antigénicas que circulan actualmente: 2a, 2b y 2c (4,5). Este linaje, CPV-2a, continuó evolucionando con una tasa de mutación elevada, comparable a la de los virus de ARN, conocidos por su rápida evolución (6). Los estudios de identificación de linajes y clados basados en la secuencia genómica son limitados.

El objetivo de este trabajo fue realizar un análisis global de cepas de CPV para determinar el origen y caracterizar los distintos filogrupos circulantes.

Metodología

Cepas virales de América (Argentina, Brasil, Colombia, Ecuador, México, Uruguay), y Europa (Alemania, Bélgica, Bulgaria, España, Italia) se procesaron mediante extracción y secuenciación. Se obtuvieron 157 secuencias consenso del genoma codificante de CPV de varios años de colecta mediante secuenciación Sanger (4) y un protocolo Illumina desarrollado en nuestro laboratorio (7). Se combinaron con secuencias obtenidas de la base de datos de Genbank para generar un dataset de 683 secuencias. Se realizaron análisis bioinformáticos utilizando las herramientas MAFFT (8), RDP4 (9), GeneiousPrime (10), y Nextstrain (11).

Resultados

Discusión

- Mediante el uso de Nextstrain, el análisis filogenético y la datación temporal de nodos ancestrales nos permitieron investigar la filodinámica de CPV (Figura 1). Se identificaron varios filogrupos, algunos de los cuales ya habían sido reportados previamente (6,12): Europa-I (E1), Asia-I (A1) y Sudamérica-I (SA1).
- La inclusión de nuevas secuencias permitió establecer nuevos grupos filogenéticos: Asia-II (A2), Sudamérica-II (SA2), Sudamérica-III (SA3), Norteamérica-I (NA1) y Norteamérica-II (NA2). Cada uno de estos grupos presenta una identidad genética, geográfica y temporal que lo define (Tabla 1). Los grupos tienen origen asiático, europeo, latinoamericano y norteamericano; y su distribución mundial es consecuencia de eventos de migración y diferenciación genética regional y local. Estos grupos incluyen las tres variantes: 2a, 2b y 2c, lo cual apoya el origen polifilético de las variantes. También incluyen secuencias obtenidas de varios hospederos silvestres, sustentando la importancia de los estudios epidemiológicos de CPV en la fauna silvestre, para monitorear posibles saltos entre especies.

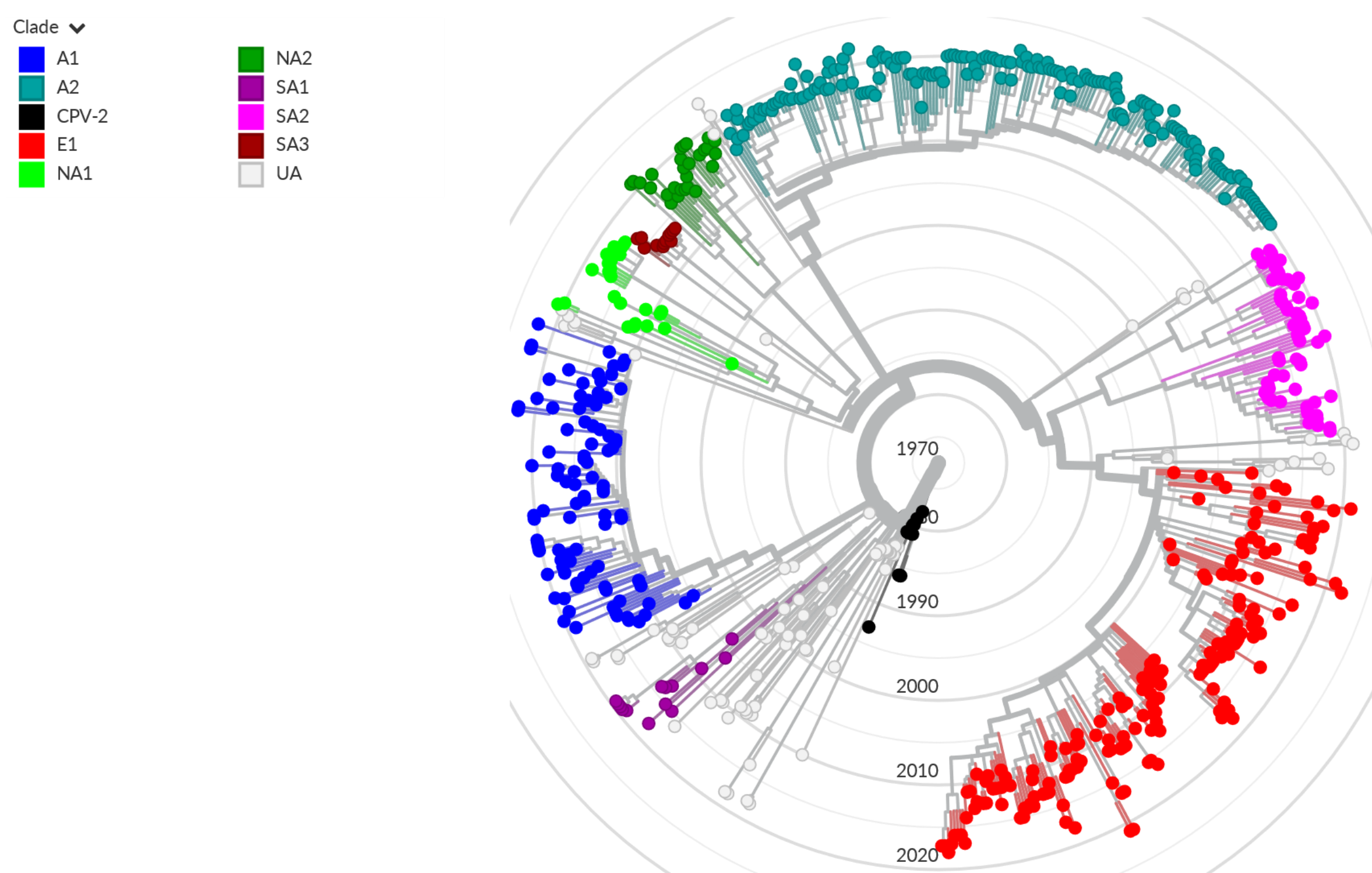


Figura1. Análisis evolutivo mediante Nextstrain del genoma codificante de CPV.

Tabla 1. Descripción de los filogrupos de CPV en el mundo.

Clado	Origen		Países	Variante antigénica
	País	Año		
Europa-I (176 secuencias)	Italia	1998 (1996-1999)	Albania, Alemania, España, Francia, Italia, Argentina, Brasil, Chile, Ecuador, Paraguay, Perú, Uruguay, Estados Unidos, México, Australia	CPV- 2c
Asia-I (97 secuencias)	China	1997 (1993-2001)	China, India, Vietnam, Escocia, Inglaterra, Italia, Australia, Canadá y Uruguay	CPV-2a
Asia-II (175 secuencias)	China	2007 (2005-2009)	Canadá, China, Corea del Sur, Italia, Mongolia, Nigeria, Taiwán, Tailandia y Vietnam	CPV-2c
Norteamérica -I (26 secuencias)	Estados Unidos	1993 (1990-1997)	Canadá, Ecuador, Estados Unidos, Francia, Alemania e Italia	CPV-2a CPV-2b CPV-2c
Norteamérica-II (27 secuencias)	Estados Unidos	2000 (1996-2005)	Estados Unidos, México	CPV-2c
Sudamérica-I (14 secuencias)	Brasil (27%) Uruguay (20%) Argentina (19%)	1990 (1988-1993)	Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Uruguay	CPV-2a CPV-2b
Sudamérica-II (58 secuencias)	Perú	1993 (1989-2001)	Ecuador, Perú	CPV-2a CPV-2b CPV-2c
Sudamérica-III (12 secuencias)	Brasil	2000 (1997-2005)	Brasil	CPV-2b

Conclusiones

CPV mantiene una continua evolución global, la cual esta caracterizada por eventos de migración y diferenciación regional y local, lo cual tuvo como consecuencia el surgimiento de varios filogrupos con distintas características.

Agradecimientos

Referencias