

**DIVERSIDAD FILOEVOLUTIVA Y MOLECULAR DE
LAS VARIANTES ANTIGÉNICAS CPV-2a Y CPV-2b
CIRCULANTES EN COLOMBIA**

SEBASTIÁN GIRALDO RAMÍREZ

Julián Ruíz Sáenz

MV, MSc, PhD

Trabajo de grado para obtener el título de:

Magister en Microbiología

UNIVERSIDAD DE ANTIOQUIA

ESCUELA DE MICROBIOLOGÍA

MEDELLÍN

2020

RESUMEN

La parvovirus canina es una de las principales enfermedades virales que afectan a la población canina del mundo. El agente causal de esta enfermedad es el Parvovirus canino tipo 2 (CPV-2), el cual tiene como tejido blanco células con alta actividad mitótica, como lo son las del epitelio intestinal y tejido linfóide, lo que deriva en la destrucción de estos tejidos y la aparición de signos clínicos como la diarrea hemorrágica característica de la enfermedad.

Se han descrito tres variantes antigénicas de CPV-2 (CPV-2a, CPV-2b y CPV-2c) con base en mutaciones puntuales en la proteína de cápside VP2. En Colombia, en el año 2016, se describió la presencia de las variantes antigénicas CPV-2a y CPV-2b por medio de la secuenciación parcial del gen que codifica para VP2. Adicionalmente el análisis filogenético de ese trabajo permitió identificar que secuencias pertenecientes a CPV-2a, presentaban una agrupación particular en un clado monofilético y las cuales presentaban la mutación Ala514Ser. Se sugirió la aparición de una posible subvariante CPV- a colombiana.

El presente trabajo para la tesis en maestría en microbiología, constituye una continuación y un análisis más a profundidad de lo realizado anteriormente en la identificación de variantes CPV-2 en Colombia. Se realizó la recolección de muestras de materia fecal de pacientes con diagnóstico presuntivo de parvovirus en el valle de Aburrá; se obtuvieron secuencias del gen VP2 completo que permitieron la identificación de las variantes CPV-2a y CPV-2b; el análisis filogenético evidenció una distribución de las variantes, en las cuales las secuencias 2a conforman un clado monofilético diferenciado y las secuencias 2b relacionadas con secuencias de Asia y Uruguay. Se realizó un análisis evolutivo que permitió identificar el origen de las variantes antigénicas halladas en el estudio; La variante 2a tiene origen suramericano perteneciendo al clado Suramérica I, la variante 2b tiene origen asiático perteneciendo al clado Asia I.

Se realizó un análisis estructural de VP2 con el objetivo de identificar la ubicación en la proteína de las mutaciones halladas en las variantes 2a y 2b. Se identificó que las mutaciones de CPV-2a y CPV-2b se encuentran en dominios de interacción con receptor celular o de interacción con anticuerpos, por lo que podrían representar mutaciones que favorecen la interacción virus-receptor y/o evasión de neutralización por anticuerpos.

Palabras clave: Parvovirus canino, variantes antigénicas, Mutación, filogenética.

**DIVERSIDAD FILOEVOLUTIVA Y
MOLECULAR DE LAS VARIANTES
ANTIGÉNICAS CPV-2a Y CPV-2b
CIRCULANTES EN COLOMBIA**

SEBASTIÁN GIRALDO RAMÍREZ

Julián Ruíz Sáenz

MV, MSc, PhD

Trabajo de grado para obtener el título de:

Magister en Microbiología

UNIVERSIDAD DE ANTIOQUIA

ESCUELA DE MICROBIOLOGÍA

MEDELLÍN

2020