

Comparación aminoacídicas en sitios de importancia biológica entre cepas humanas de La Rioja y porcina de Rotavirus. Evidencia de Relación interespecie.

V. Cuffia, N Guerra, JC Amaya, A Silvera, PA Cordoba.

Laboratorio de 1-Departamento de investigación. Instituto Universitario de Ciencias de la Salud de Fundación Barceló HA. Sede La Rioja. Ruta 5 Y 38. La Rioja

pcordoba@barcelo.edu.ar

Rotavirus es el virus entérico mas estudiado en la relación interespecie. La diversidad genética de sus cepas se produce por redistribución (reassortment) en el ambiente lo cual puede resultar en cambios biológicos. Nosotros determinamos previamente que 10 cepas de rotavirus Humana obtenidas en La Rioja definen 2 grupos con identidades genéticas diferentes pero ambas presentan identidad genética con cepas porcinas.

El objetivo de este trabajo fue comparar la secuencia aminoacídicas de la Proteína VP7 de las cepas de Rotavirus humanos aisladas en La Rioja con las cepas de origen animal para estudiar si la redistribución de genes evidencia una semejanza biológico en la proteína.

Los alineamientos de las secuencias nucleotídicas fue traducida a secuencia aminoacídicas por BIOEDIT. Las cepas del grupo 2 fueron comparadas con JP35-7. Las cepas del grupo 1 fueron comparadas con la cepa USO porcina. La comparación se expresa en porcentaje de identidad. Las secuencias de importancia biológica estudiadas fueron regiones hidrofóbicas 1 y 2 (H1y2:28aa), el sitio de clivaje del péptido señal (Q51:1aa), el sitio de glicosilación (p69.1aa), el sitio de unión del Ca. (31 aa), las regiones variables (RV:133 aa) y las constantes (RC1y2:70aa) entre los Rotavirus.

Los resultados muestran que se alinearon para ambas cepas 311 aminoácidos (aa) de 326 aa correspondiente al 95,4% de la secuencia aminoacídica de la proteína VP7. De la comparación de las secuencias aminoacídicas estudiadas de las cepas del Grupo 1 con la cepa porcina se obtiene un porcentaje de identidad del 43,3% para RV, del 100% para ambos, sitio Q51 y p69, del 80,7% para sitio de unión del Ca., el 89,4% para H1y2 y el 90% para RC1Y2.

De la comparación de las secuencias aminoacídicas estudiadas de las cepas del Grupo 2 con la cepa porcina se obtiene un porcentaje de identidad del 86,7 % para RV, del 100% para ambos, sitio Q51 y p69, del 97,0 % para sitio de unión del Ca., el 92,85% para H1y2 y el 98,57% para RC1Y2.

En conclusión las secuencias aminoacídicas de las cepas del grupo 2 presentan similitud en las regiones variables, el sitio de unión al Ca., el sitio de clivaje y el sitio de glicosilación a la cepa porcina sugiriendo que podría ocurrir confección de cepas en la misma célula con una redistribución genética (reassorting) ya que ambas cepas podrían estabilizar el ensamble y madurar en la cápside externa del virus de la misma célula desencadenando una respuesta inmune cruzadas. Todos los resultados muestran evidencias de una relación interespecie en las cepas riojanas del grupo 2.