

Genotipificación muestras Virus Respiratorio Sincicial

Departamento Laboratorio Biomédico Nacional y
de Referencia



Instituto de
Salud Pública
Ministerio de Salud

Gobierno de Chile

Subdepartamento Enfermedades Virales,
Sección Virus Respiratorios y Exantemáticos

Subdepartamento Genética Molecular

Julio 2011

Introducción



- El Virus Respiratorio Sincicial (VRS) está clasificado en los grupo A y B basado en la variabilidad de la glicoproteína G.
- En el grupo A se han identificado varios genotipos, GA1 a GA7; SAA1 (Sudáfrica); NA1 y NA2.
- En el grupo B se han identificado los genotipos GB1 a GB4; SAB1 a SAB3 y los genotipos BA1 A BA10. Los genotipos BA fueron identificados en Buenos Aires, Argentina en 1999, y se caracterizan por tener una duplicación de 60 nucleótidos en una región de la proteína G. Estas cepas se han diseminado por todo el mundo, encontrándose diversos genotipos en este grupo.
- La genotipificación de VRS permite definir cual o cuales de los genotipos descritos son los causantes de brotes, o identificar nuevos genotipos.





Metodología

- En el ISP se ha realizado un estudio preliminar en 30 muestras de aspirado nasofaríngeo de pacientes de la región Metropolitana positivas para VRS a nivel local por Inmunofluorescencia.
- Se amplificó mediante RT-PCR una región de 700 pares de bases del gen que codifica para la glicoproteína G, la cual media la unión del virus a la célula. El producto de PCR obtenido fue purificado y secuenciado en un equipo ABIS PRISM de Applied biosystem 3130 y el análisis bioinformático de las secuencias se realizó con los programas Chromas, Biedit y MEGA.





Resultados

- El análisis filogenético demostró que el 77% (n= 23) de las muestras analizadas correspondió al grupo B de VRS, siendo predominante el genotipo BA9 (87%).
- El grupo A se observó en el 23% (n= 7) de las muestras, todas correspondieron al genotipo GA2.



Resumen muestras Virus Respiratorio Sincicial Secuenciadas en el ISP*

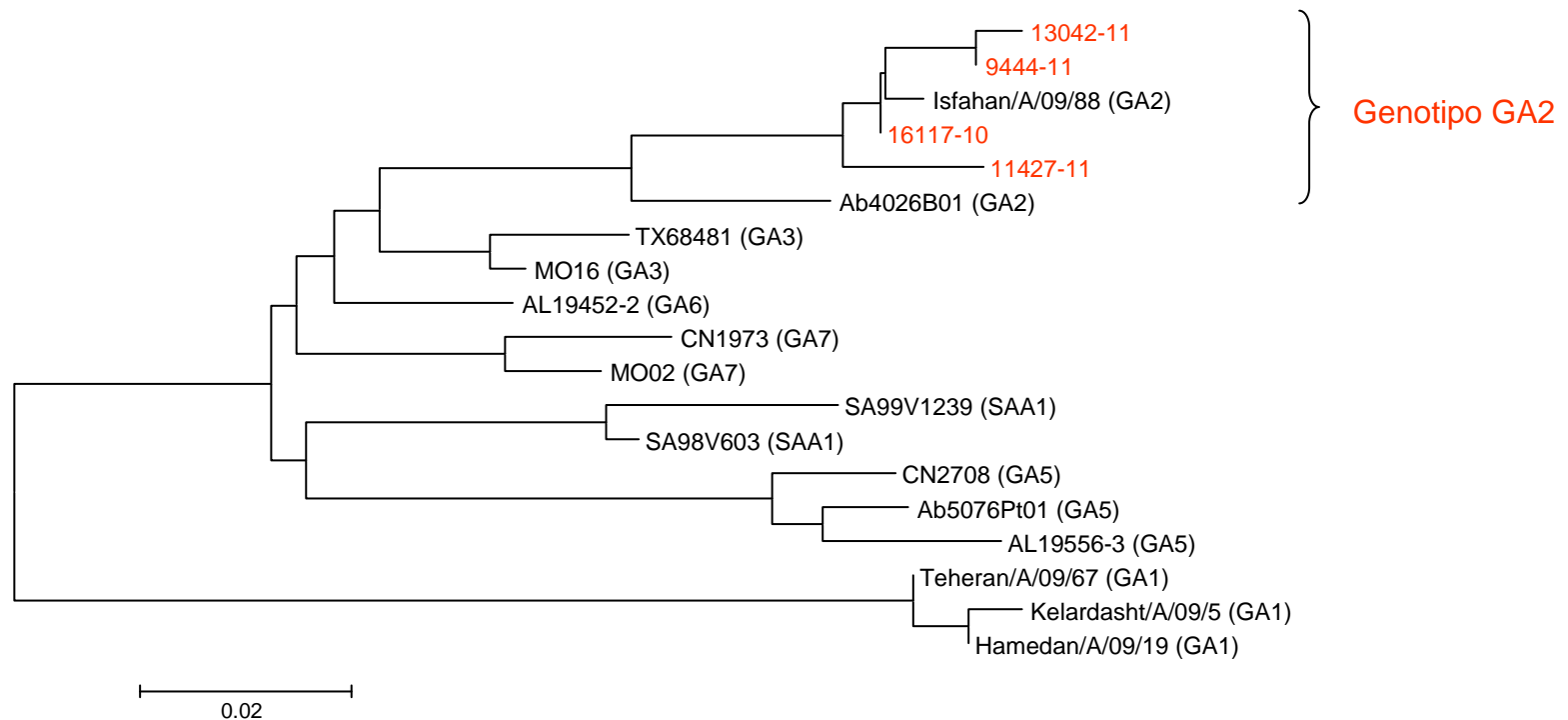


Grupo	n	Genotipo: n (%)
A	7	GA2: 7 (100%)
B	23	BA9: 20 (87%) BA10: 3 (13%)

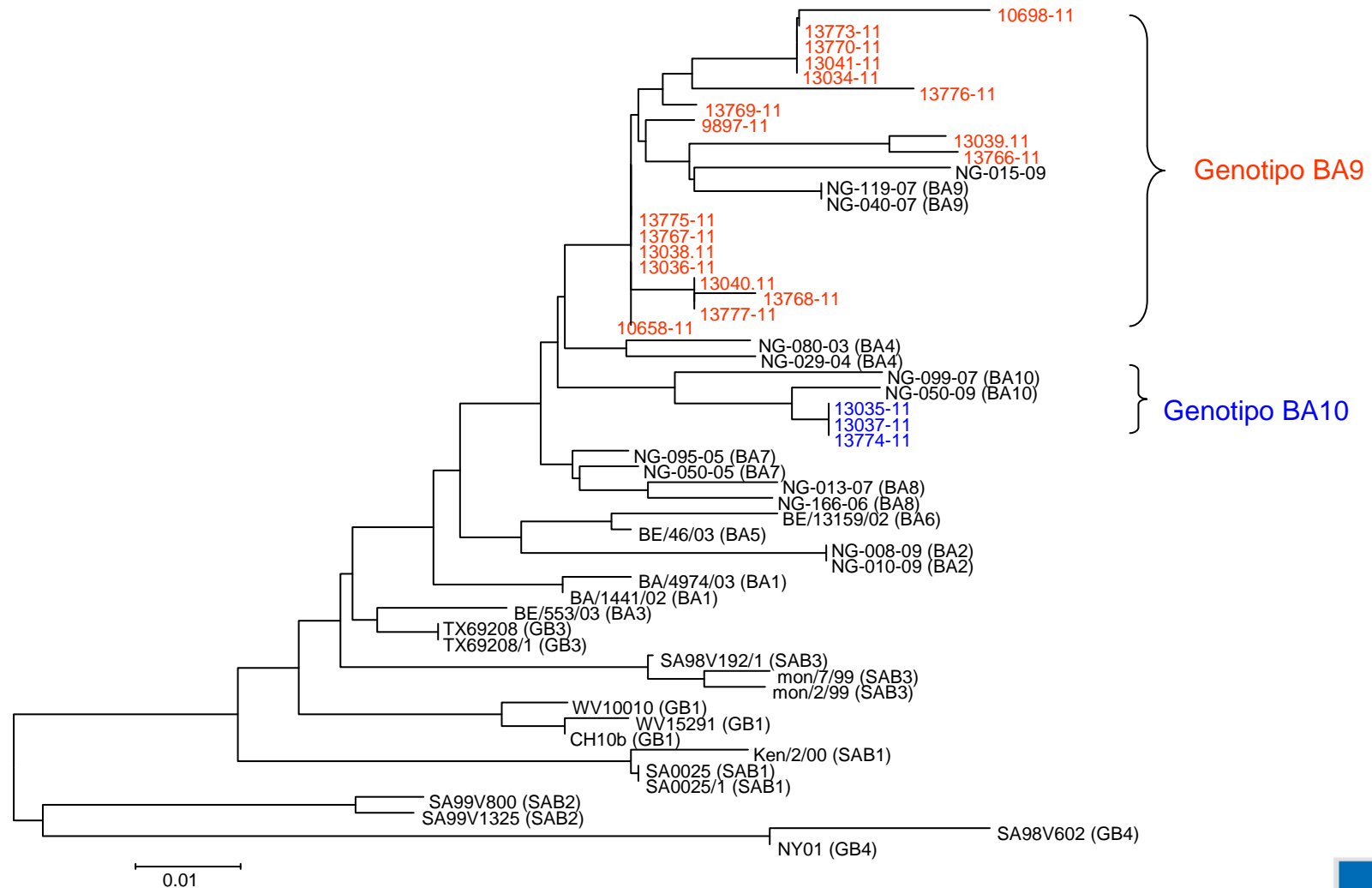
* Todas las muestras secuenciadas provienen de la Región Metropolitana.



Árbol filogenético de Virus Respiratorio Sincicial grupo A



Árbol filogenético de Virus Respiratorio Sincicial grupo B



Conclusiones



En esta muestra analizada se determinó que:

El grupo más prevalente corresponde a VRS B

Existe circulación de más de un genotipo,
siendo el más prevalente el genotipo BA9.

