

García Mario Alejandro¹, Laguna Irma Graciela², Brandimarte María Soledad³, Ruiz Posse Maria de la Paz⁴, Maurino Fernanda², Druetta Marcelo⁴, Carpane Pablo⁵, Giménez Pecci María de la Paz³

¹ Universidad Tecnológica Nacional, Facultad Regional Córdoba, Córdoba, Argentina; ²- CONICET – IPAVE INTA Córdoba; ³- IPAVE INTA Córdoba; ⁴- EEA Este Santiago del Estero INTA; ⁵- Monsanto Argentina; gimenez.mariadelapaz@inta.gob

INTRODUCCION

La variabilidad genética es una de las causas más importantes de los diferentes grados de severidad de las enfermedades causadas por virus de RNA y su potencial de transmisión. El MRCV pertenece a este grupo de patógenos. La plasticidad de estos patógenos generada por la variabilidad les permite invadir nuevos tejidos y colonizar nuevos hospedadores. Al emplear el perfil electroforético de los segmentos genómicos del MRCV para definir la variabilidad genómica del virus, se registró previamente que la variabilidad de este virus es muy elevada, presentando 30 haplotipos diferentes que han ido detectándose a lo largo de los años en forma constante desde 1992/93 hasta 2010/11.

MATERIALES Y METODOS

En este trabajo se presentan los análisis de redes de haplotipos con distancias genéticas entre las variantes electroforéticas (Figura 1), explorados en un proceso de Minería de datos (KDD) incorporando datos de dos nuevas campañas agrícolas: 2011/12 y 2013/14. Para ello se analizaron 104 nuevas muestras, pertenecientes a 5 localidades (Suco, Río Cuarto, Bruzole, Puán y General Pico) de las provincias de Córdoba, Buenos Aires y La Pampa, ubicadas en las regiones endémica y sur de endémica.

RESULTADOS

En estos estudios se registró un nuevo haplotipo (N° 31) (Figura 1) debido al cambio de posición del segmento genómico 3 (que codifica para la proteína mayoritaria del core de la cápside viral) y la desaparición del segmento genómico 7 (que codifica para 2 proteínas no estructurales reguladoras de genes que afectan la severidad durante la infección viral).

El cálculo de la variabilidad genómica mediante el indicador SDH (distancia entre perfiles genómicos de haplotipos diferentes) y su valor esperado estimado desde 1989/90 hasta 2008/09 (García et al., 2012), indicó que la variabilidad de este virus fue incrementándose hasta la gran epidemia de 1996/97, posteriormente a la cual fue disminuyendo. Los nuevos datos que se analizaron en el marco de este trabajo, corroboran la tendencia de disminución de variabilidad en el análisis por zona (Figura 2), sin embargo en el análisis por localidad se detecta que la variabilidad vuelve a elevarse en el 40 % de los lotes examinados desde 2010/11 (Figura 3).

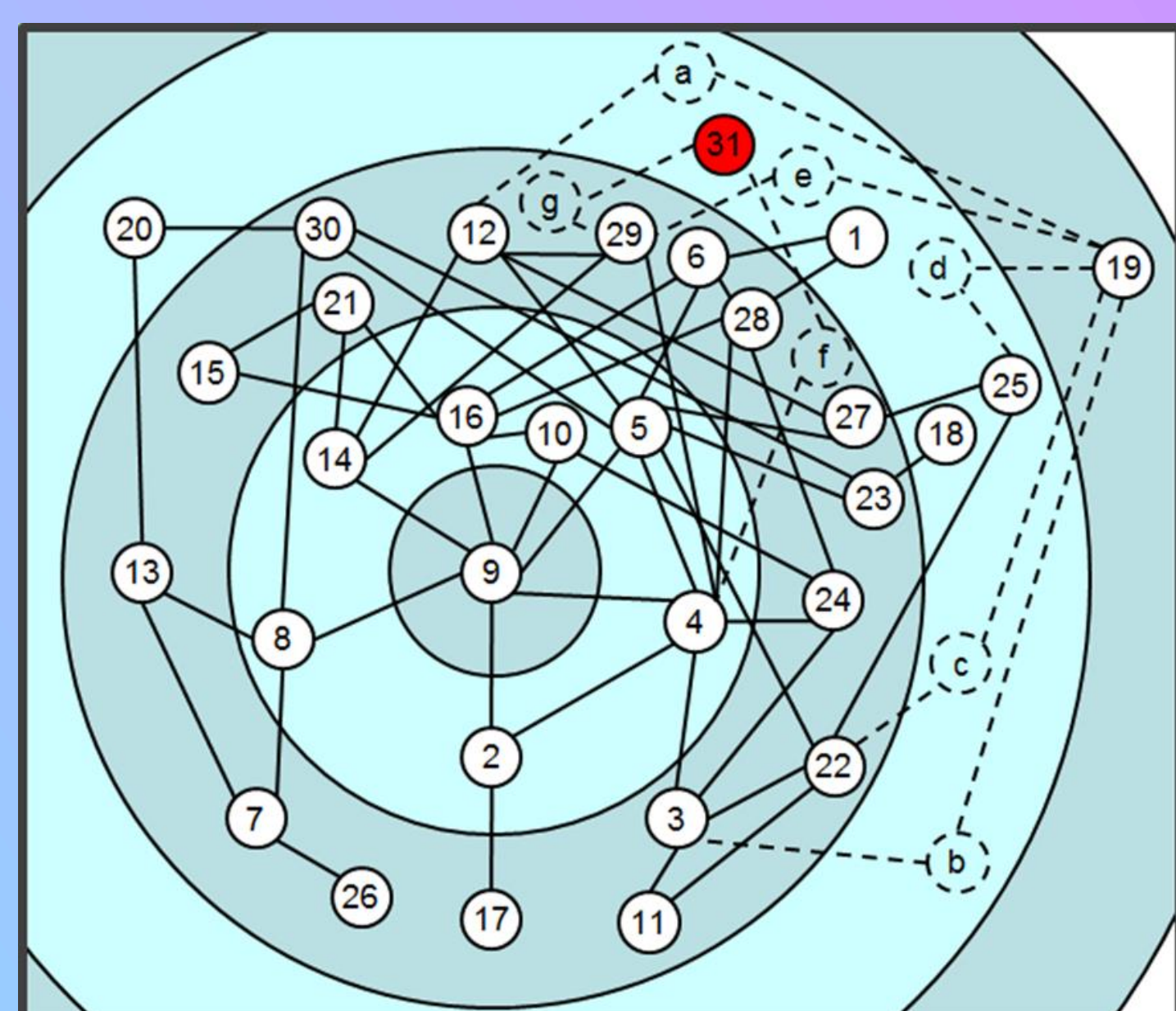


Figura 1. Red de haplotipos del Mal de Río Cuarto virus. Los arcos entre los haplotipos representan las distancias distancias = 1 entre ellos. Se puede ver resaltado en color rojo, el haplotipo 31.

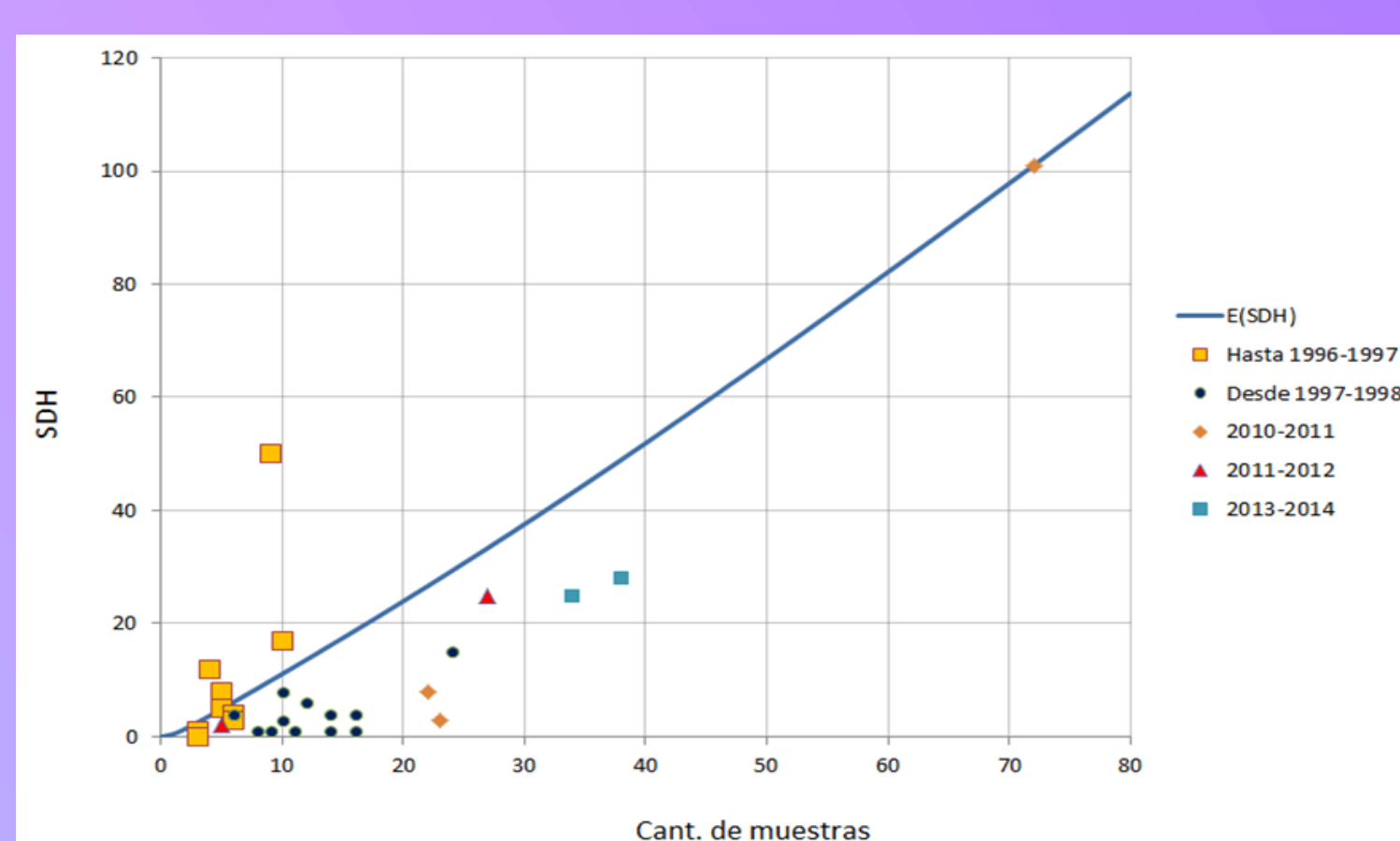


Figura 2. Comparación del indicador SDH (Suma de distancias entre haplotipos) y su valor esperado E(SDH) para ambientes formados por año y región geográfica. Los valores grandes de SDH indican alta variabilidad del virus.

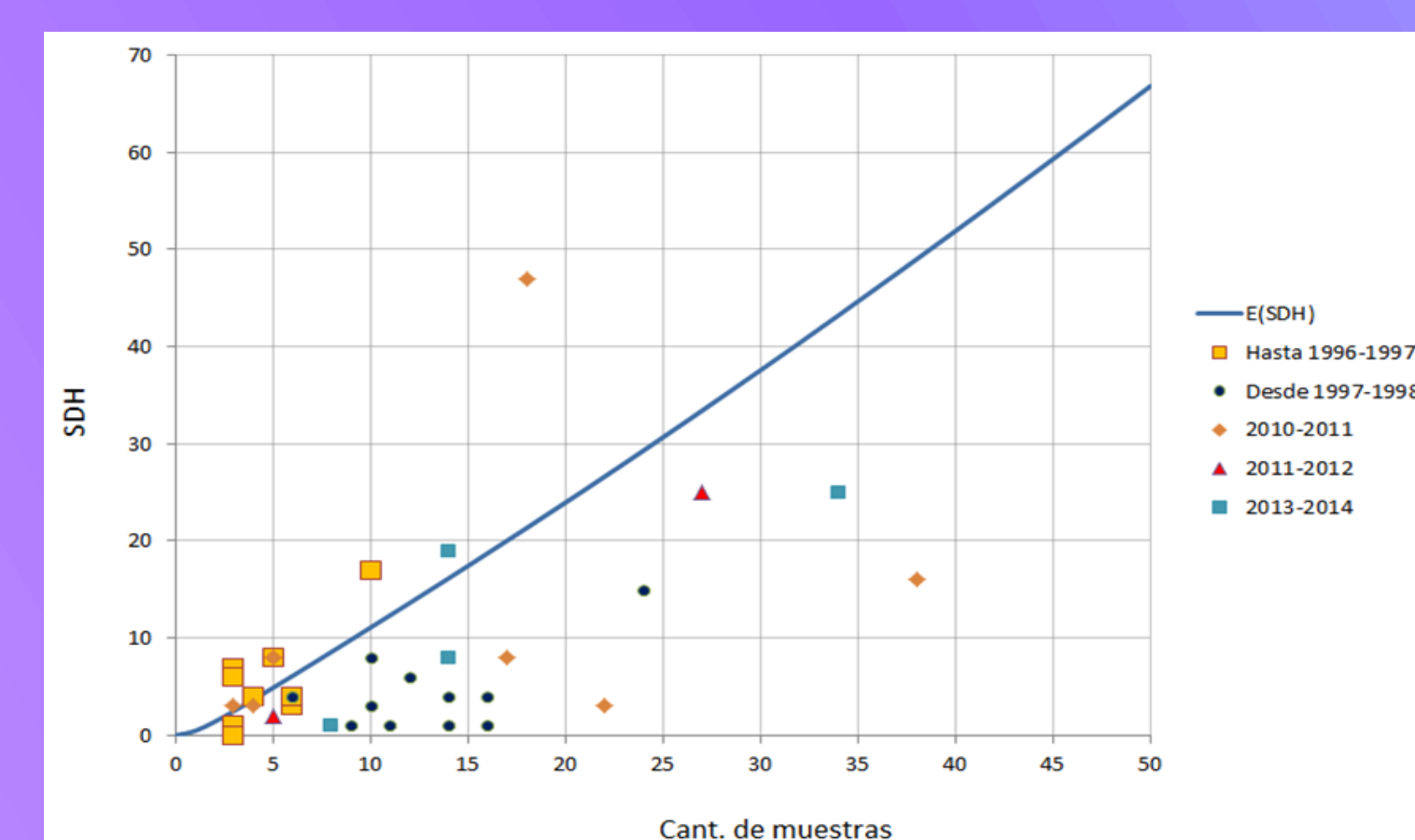


Figura 3. Comparación del indicador SDH (Suma de distancias entre haplotipos) y su valor esperado E(SDH) para ambientes formados por año y localidad.

CONCLUSIONES

Se concluye que la variabilidad genómica del MRCV analizada con datos de perfil electroforético del genoma no es constante a lo largo de los últimos 25 años, detectándose desde 2009/10 incrementos puntuales de la variabilidad en las localidades mencionadas. Resultaría interesante corroborar si estos resultados se traducen en efectos epidemiológicos.

Garcia M A, M P Gimenez Pecci, J B Cabral, A N Castillo, I G Laguna. 2012. Interactive Network Exploration in the KDD Process, Contributions in the Study of Population Variability of a Corn Fijivirus. J Data Mining Genomics Proteomics, 3: 120, 6 pag, doi:10.4172/2153-0602.1000120