

Caracterización genética molecular del Virus Sincitial Respiratorio Humano en Cuba

Valdés, Odalys¹;
Savón, Clara¹;
Goyenechea, Angel¹;
Palerm, Lidice¹;
González, Grehete¹;
González, Guelsy¹

¹Instituto de Medicina
Tropical Pedro Kouri;
Cuba

OBJETIVOS: Estudiar la variabilidad genética del Virus Sincitial Respiratorio (VSR) en Cuba para conocer que genotipos circulan y su relación filogenética con los de otras regiones del mundo. **MATERIALES Y MÉTODOS:** Se estudió la variabilidad genética por secuenciación nucleotídica del VSR de 64 muestras clínicas obtenidas de niños menores de un año con diagnóstico clínico de IRA baja de posible etiología viral, provenientes de hospitales pediátricos de 6 provincias de Cuba desde 1994 hasta el 2000. Las secuencias nucleotídicas y aminoacídicas del VSR fueron alineadas y analizadas filogenéticamente utilizando el Clustal X y el programa MEGA. **RESULTADOS:** De 64 cepas analizadas, 58 pertenecieron al subgrupo A y 6 al B. Los cambios encontrados más frecuentemente fueron sustituciones nucleotídicas, las mismas fueron de tres tipos: sustituciones sinónimas, no sinónimas y sustituciones que introducen cambios en la posición del codón de terminación. La glicoproteína G de los virus de Cuba pertenecientes al subgrupo B detectados presentaron una proteína de 295 aa y dos tamaños (297 aa y 298 aa) para el subgrupo A. Dentro del subgrupo A se detectaron 5 genotipos: Genotipo Antiguo, GA1, GA2, GA3 y GA5. Las cepas del Genotipo Antiguo se agruparon filogenéticamente con una cepa antigua la cepa prototipo Long, aislada en 1956. Este genotipo no ha sido nuevamente detectado desde la fecha de su aislamiento. Las cepas del subgrupo B se agruparon con cepas que han circulado solamente en Sudáfrica y se detectaron 2 genotipos: SAB1 y SAB3. **CONCLUSIONES:** Las sustituciones de aminoácidos y el uso alternativos de codones de terminación, fueron los cambios más frecuentemente encontrados en los virus cubanos. Las secuencias de las cepas del subgrupo A se agruparon filogenéticamente con secuencias de diferentes genotipos reportados en distintas regiones geográficas de todos los continentes. La circulación de cepas pertenecientes al subgrupo A con secuencias nucleotídicas similares a la de la cepa prototipo Long resultó ser un hallazgo particular en las cepas cubanas. Las secuencias nucleotídicas de los VSRH cubanos pertenecientes al subgrupo B, se relacionaron filogenéticamente con las secuencias de cepas reportadas en Sudáfrica durante la misma temporada epidémica.