

27/01/2016

Puesta al día del método de clasificación taxonómica del circovirus porcino tipo 2



Un equipo internacional y multidisciplinar de científicos han publicado un estudio en el *Virology Journal* donde se estudia la clasificación taxonómica del circovirus porcino tipo 2 (PCV2), uno de los principales patógenos que afectan al sector porcino a nivel mundial. El estudio ha contado con la participación destacada de dos investigadores del IRTA-CReSA, el profesor Joaquim Segalés, del Departamento de Sanidad y Anatomía Animales de la UAB, y el doctor Martí Cortey, del subprograma de enfermedades endémicas del IRTA-CReSA.

El PCV2 provoca anualmente cuantiosas pérdidas económicas en el sector porcino. Desde hace unos años la vacunación ha sido el medio más efectivo de controlar las infecciones para este virus, aunque todavía existen muchas lagunas en numerosos aspectos patológicos, epidemiológicos y evolutivos. Desde la última propuesta de clasificación taxonómica del PCV2, presentada en el marco del [proyecto Europeo del sexto programa marco](#), se ha incrementado significativamente el número de genomas del virus disponibles en el GenBank, especialmente con datos provenientes de China.

El estudio realizado ha clasificado y analizado todos estos genomas completos y parciales de PCV2 disponibles para evaluar el método y la clasificación taxonómica aceptada actualmente. Los resultados han indicado claramente la necesidad de un nuevo método de clasificación, ya

que el método de umbrales aplicado en la última clasificación, basado en el histograma de frecuencias de las diferencias entre secuencias, es inadecuado para la situación actual, donde la variabilidad vírica es muy superior a la conocida en la anterior clasificación.

En el marco de este trabajo se ha propuesto un método alternativo, basado en posiciones marcadoras, mutaciones conservadas que permiten diferenciar grupos, para mantener la clasificación taxonómica actual basada en cuatro genotipos, y que al mismo tiempo sea rápido y de fácil aplicación a la hora de decidir a qué genotipos asignar una secuencia problema.

Joaquim Segalés

Departamento de Sanidad y Anatomía Animales (UAB)

joaquim.segales@uab.cat

Martí Cortey

Subprograma de enfermedades endémicas (IRTA-CReSA)

marti.cortey@irta.cat

Referencias

Franzo, Giovanni; Cortey, Martí; Olvera, Alex; Novosel, Dinko; Martins Gomes De Castro, Alessandra Marnie; Biagini, Philippe; Segalés, Joaquim; Drigo, Michele. [Revisiting the taxonomical classification of Porcine Circovirus type 2 \(PCV2\): still a real challenge. Virology Journal.](#) 2015, vol. 12, art. 131. doi: 10.1186/s12985-015-0361-x.

[View low-bandwidth version](#)