

PRIMER REPORTE DE DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE DIARREA EPIDÉMICA PORCINA EN ECUADOR

Garrido, Ana^{a*}; Barrera, Maritza^{a*}; Vaca, María^a; Acosta, Alfredo^b

^aLaboratorio de Biología Molecular. Agencia Ecuatoriana de Aseguramiento de Calidad del Agro – Agrocalidad, Av. Interoceánica Km. 14^{1/2}, La Granja MAGAP, Tumbaco, Ecuador.

^bDirección de Sanidad Animal. Agencia Ecuatoriana de Aseguramiento de Calidad del Agro – Agrocalidad, Av. Interoceánica Km. 14^{1/2}, La Granja MAGAP, Tumbaco, Ecuador.

^cSENESCYT, Secretaría Nacional de Educación Ciencia y Tecnología / Proyecto Prometeo, ECUADOR.

Ingresado: 30/04/2015

Aceptado: 06/08/2015

Resumen

El virus de la diarrea epidémica porcina (DEP) es coronavirus que produce diarreas y vómitos con alta mortalidad, en Ecuador nunca antes había sido informado el diagnóstico de esta enfermedad. En el año 2014 se produjo un brote de diarrea en cerdos de la provincia Cotopaxi con las características clínico-epidemiológicas de DEP. Se presentan los resultados de la confirmación por RT-PCR de la presencia de ARN del virus DEP en las muestras de intestino y heces de cerdos enfermos y la obtención de la secuencia nucleotídica de un fragmento de 627 nucleótidos del gen S del aislado, que fue llamado DEP Cotopaxi 2014, esta secuencia tuvo una identidad de 100% con más de 72 cepas o aislados del virus de la DEP de los brotes del 2013 y 2014 de Estados Unidos y de aislados de Corea del Sur relacionados filogenéticamente también con cepas americanas.

Palabras claves: Diarrea epidémica porcina, diagnóstico, PCR, caracterización molecular, Ecuador.

* Correspondencia a: Ana Garrido,
e-mail: ana.garrido@agrocalidad.gob.ec