

ACADEMIA JOURNALS



OPUS PRO SCIENTIA ET STUDIUM

ELIBRO CON ISBN ONLINE

978-1-939982-67-4

# DIFUSIÓN DE EXPERIENCIAS Y RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN A NIVEL SUPERIOR - CHIAPAS 2021

Junio 23 al 25 de 2021

---

Trabajos de Investigación del  
Congreso Internacional de  
Investigación Academia Journals  
Chiapas 2021

[www.academiajournals.com](http://www.academiajournals.com)

# Título del libro electrónico: *Difusión de Experiencias y Resultados de Investigación a Nivel Superior - Chiapas 2021*

ISBN 978-1-939982-67-4 online\*

Este libro electrónico (e-book) contiene la colección de los trabajos de investigación presentados en el Congreso Internacional de Investigación Academia Journals Chiapas 2021 que fuera organizado los días 23, 24, y 25 de junio por Academia Journals en colaboración con el Colegio de Ingenieros Industriales en Chiapas (COIIN) y el insigne Instituto de Estudios Superiores Manuel José de Rojas, de San Cristóbal de las Casas, recinto que hubiese fungido como sede oficial del congreso en caso de que el mismo se hubiese podido realizar en forma presencia

## Política de copyright

Con el fin de maximizar el valor para los autores de sus publicaciones en AJ, se observan la políticas de copyright aquí descritas. Academia Journals protegerá los intereses de los autores y de las instituciones donde ellos laboran. Como requisito para publicar en AJ, todos los autores y la institución donde ellos laboran transfieren a AJ cualquier derecho de copyright que tengan en su artículo. El copyright se transmite cuando el artículo es aceptado para su publicación. La asignación de copyright es nula y terminada en caso de que el artículo no sea aceptado para publicación. Para corresponder a la transferencia de los derechos de autor, AJ cede a los autores y a las instituciones donde ellos laboran el permiso y derecho de hacer copias del artículo publicado y utilizarlo para fines académicos. El autor retiene siempre los derechos de patentes descritas en el artículo. Después de que el artículo haya sido aceptado para su publicación en AJ, y dado que el copyright ha sido ya transferido, cualquier cambio o revisión al material debe hacerse solamente con la autorización de AJ.

## Consejo académico

Dr. Rafael Moras (San Antonio, EEUU)  
MA Ani Alegre (Austin, EEUU)  
Dr. Ángel Esparza (Houston, EEUU)  
Lic. David Moras (San Antonio)  
MC Constantino Moras Sánchez (Orizaba, México)  
Dr. Eloy Mendoza Machain (Morelia, México)  
Dr. Pedro López Eiroá (CDMX, México)  
Ing. Mónica Gutiérrez (San Antonio, EEUU)

## Diseño y publicidad

contacto@academiajournals.com

## Comentarios y sugerencias

contacto@academiajournals.com

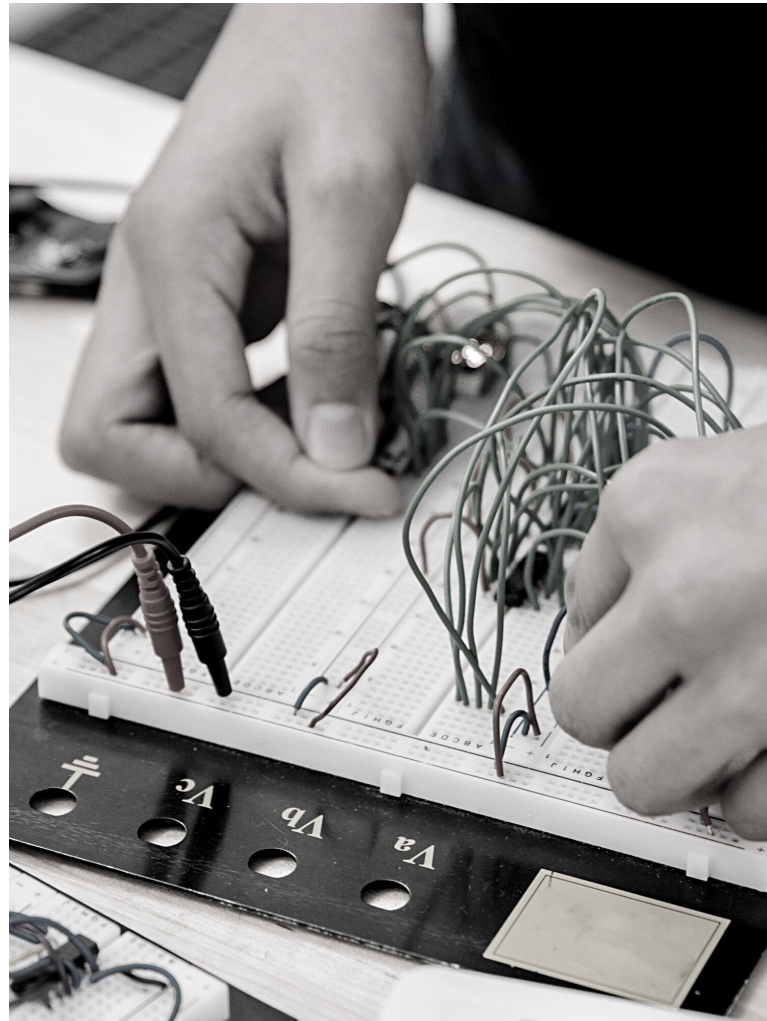
+1 (210) 415-3353

3760 E. Evans

San Antonio TX 78259 USA

www.academiajournals.com

\*El ISBN fue asignado a este libro por la Agencia de ISBN en Estados Unidos. Los números de copyright tienen validez mundial. Para comprobar la validez de un ISBN, favor de visitar la página bookwire.com.



**Tomo** Páginas

**01** 1-123

**02** 124-244

**03** 245-366

**04** 367-494

**05** 495-622

**06** 623-735



DIFUSIÓN DE EXPERIENCIAS Y  
RESULTADOS DE INVESTIGACIÓN A  
NIVEL SUPERIOR

---

**CHIAPAS 2021**

**2021**



## Presencia de Agente Patógeno viral Miembro de la Familia *Caliciviridae*, en Conejos con Signología Entérica, Pertenecientes a la Zona Sur-Oriente del Estado de México

M en C. Gabriela López Aguado Almazán<sup>1</sup>, Dra. Linda Bautista Gómez<sup>1\*</sup>, Dr. José S. Martínez Castañeda<sup>2</sup>, Dr. Salvador Fonseca Coronado<sup>3</sup>

**Resumen**—El estado de México es una entidad líder en producción cunícola, sin embargo las explotaciones se ven afectadas por diversas enfermedades siendo las de origen entérico, las principales patologías relacionadas a mortalidad y pérdidas económicas, también se ha descrito que son multifactoriales, actuando en concomitancia virus, bacterias y parásitos. Norovirus es un virus perteneciente a la familia *Caliciviridae*, agente viral común presente en cuadros diarreicos en diversas especies mamíferas. Este artículo sugiere la presencia de norovirus en esta especie. Objetivo: Identificar norovirus en muestras de tejido intestinal. Métodos: Se analizaron 106 muestras de tejido duodenal de conejos, mediante la técnica de RT-PCR. Resultados: Un total de 5 muestras fueron amplificadas a una altura de 300 pb que corresponde a la región de RdRp, evidenciando la posible presencia de este virus. Conclusión: se sugiere que Norovirus está presente en el 8.5% de las muestras procedentes de conejos con signología entérica.

**Palabras clave**—norovirus, cunicultura, sinología entérica, RT-PCR.

### Introducción

La cunicultura en México es una actividad que ha presentado un crecimiento importante en los últimos años, demostrando un incremento de la producción promedio de 1.5 millones anuales reflejados del año 2014 al 2016 de acuerdo al Servicio de Información Agroalimentario y Pesquero (2016). El Estado de México se encuentra posicionado como uno de los principales productores de carne y subproductos (CNSPC, 2021). Dentro de las producciones suelen presentarse enfermedades de diversos tipos, entre ellas: la Enfermedad Hemorrágica del conejo causada por un virus del género *Lagovirus* perteneciente a la familia *Caliciviridae*, de reciente rebrote en México y de reporte obligatorio (SAGARPA, 2021 y ICTV, 2021), las de tipo respiratorio y con mayor frecuencia las gastroentéricas (Deeb y DiGiacomo, 2000). Las patologías de origen digestivo suelen ser multifactoriales asociadas a virus, bacterias y parásitos (García et al. 2017). Los virus mayormente reportados asociados a enteritis en esta especie son: rotavirus (Reynoso et al. 2019), astrovirus (Martella et al. 2011) y coronavirus (Osterhaus et al. 1982).

Norovirus (NoV) es un virus que pertenece a la familia *Caliciviridae*, al igual que *Lagovirus*, *Nebovirus* y *Vesivirus* (ICTV, 2021), su genoma mide de 7.5 Kb a 7.7 Kb de RNA monocatenario (Thorne y Goodfellow, 2014), cuenta con tres marcos de lectura abiertos denominados ORF's (Open Reading Frame), el primero es denominado ORF 1 y sintetiza 6 proteínas no estructurales relacionadas a la síntesis viral que van de la NS1 a la NS7, o pueden ser mencionadas por el nombre de la misma, por ejemplo la proteína NS3 es NTPasa o la NS7 es RdRp (RNA dependiente de RNA polimerasa). El marco de lectura abierto ORF 2 codifica una proteína llamada VP1o proteína mayor de la cápside que se divide en dos dominios: S (Shell) y P (Protruding). El dominio P se subdivide en dos subdominios P1 y P2, este último ase une a antígenos del grupo histo-sanguíneo (HBGA), que son carbohidratos polimórficos que se sintetizan mediante monosacáridos específicos, que se encuentra en células del epitelio intestinal de los mamíferos y en conejos este tipo de receptor lo posee en la superficie del duodeno y en otras áreas, como la tráquea y los conductos biliares; cabe mencionar que *Lagovirus*, virus de la enfermedad hemorrágica tiene afinidad por este tipo de receptor en los conejos y se ha demostrado un mecanismo similar a Norovirus humanos del genogrupo GII que es el más prevalente a nivel mundial, proponiendo a este especie como modelo estudio de Norovirus humano. ORF 3 sintetiza la proteína VP2 o proteína menor de la cápside cuenta con una longitud de 1000 pb (Cotten et al. 2014 y Leuthold et al. 2014).

<sup>1</sup> M en C. Gabriela López Aguado Almazán. Laboratorio de Biotecnología, Biología Molecular y Genética del Centro Universitario UAEM Amecameca de la Universidad Autónoma del Estado de México. [gab-fk@hotmail.com](mailto:gab-fk@hotmail.com)

<sup>1</sup>Dra. Linda Guiliana Bautista Gómez. Laboratorio de Biotecnología, Biología Molecular y Genética del Centro Universitario UAEM Amecameca de la Universidad Autónoma del Estado de México. [lin\\_bag@yahoo.com.mx](mailto:lin_bag@yahoo.com.mx) (autor correspondiente)

<sup>2</sup>Dr. José S. Martínez Castañeda. Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma del Estado de México. [josesimonmc@hotmail.com](mailto:josesimonmc@hotmail.com)

<sup>3</sup>Dr. Salvador Fonseca Coronado. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. [fonsecacoronado@yahoo.com](mailto:fonsecacoronado@yahoo.com).

La clasificación de Norovirus se puede realizar mediante la amplificación de una región parcial de la proteína RdRp asignando grupos P y tipos P o por amplificación de una región de la cápside VP1 o genoma completo, clasificándolos por genogrupos, genotipos y especies: genogrupo GI (humanos), GII (humanos y porcinos), GIII (ovinos y bovinos), GIV (caninos, felinos y humanos), GV (murino), GVI y GVII (caninos), GVIII y GIX (humanos), GX (murciélago) y GNA1-GNA2 (Marsopa del puerto y león marino). La generación de mutaciones puntuales que posee Norovirus localizadas en ORF1 y ORF2 en VP1, da como resultado la gran diversidad genética de las cepas de este virus, aunado a que la gran mayoría de mamíferos posee receptores HBGA y estos también pueden presentar variabilidad, hacen de Norovirus un virus potencial para desarrollarse en diversas especies (Chhabra et al. 2019 y Parra, 2019). Lo anteriormente descrito sustenta la posibilidad de que los conejos con signología entérica, podría estar desarrollando infecciones por Norovirus que se pueden encontrar en muestras de tejido duodenal o heces y estar afectando la producción cunícola.

### Descripción del Método

#### Obtención de la muestra

Se realizó un muestreo de tipo no probabilístico, recolectando un total de 106 muestras, de granjas productoras ubicadas en los municipios de Amecameca, Tenango del Aire y Juchitepec. Los animales eran de diversas edades, a partir de los 21 días edad, así como hembras y machos reproductores, que presentaran signología entérica principalmente diarrea y distensión abdominal, además de no recibir ninguna clase de medicación. Posteriormente en el anfiteatro del Centro Universitario UAEM Amecameca fueron evaluados medicamente y sacrificados de forma humanitaria de acuerdo a lo que establece la Norma Oficial Mexicana NOM-033-SAG/ZOO-2014: Métodos para dar muerte a los animales domésticos y silvestres, subsiguiente a ello se obtuvieron muestras de tejido intestinal de duodeno y contenido intestinal, se almacenaron a -20°C hasta su procesamiento.

#### Procesamiento de la muestra

La extracción del RNA viral se realizó mediante el Kit de extracción de ADN y ARN viral de marca Thermo Scientific, de acuerdo a instrucciones del fabricante y ya obtenido el material genético se llevó a cabo la RT con el Kit Improm II RT Systems de marca PROMEGA de acuerdo a instrucciones del fabricante.

Para la RT-PCR se utilizaron los cebadores reportados por Mesquita et al (2012) con secuencias (For 5' TGG GAY TCS ACM CAR CAG AG 3') y (Rev 3' GTG GAS ACG ATY TCA TCA TCA CC3') para la obtención de fragmentos de 300pb, dirigidos a una región parcial del RdRp y condiciones previamente estandarizadas. Los productos obtenidos fueron visualizados en geles de agarosa 3x teñidos con bromuro de etidio.

### Comentarios Finales

#### Resumen de resultados

Los conejos que se obtuvieron durante el muestreo presentaron en un 100% de los casos diarrea, seguido de otros signos como: distensión abdominal y caquexia. En la tabla 1 se muestran los 3 conejos con casos más severos.

Identificación de la muestra	Lugar de procedencia (municipio)	Signos
2 Ame 6C	Amecameca	Enteritis Distensión abdominal Diarrea mucoide
4 Ame 8C	Amecameca	Distensión abdominal Diarrea mucoide
5 Ten Ai 5C	Tenango del Aire	Enteritis Diarrea mucoide Caquexia

Tabla 1. Asociación de muestras positivas a NoV con signología de los casos más representativos

De las 106 muestras de tejido intestinal perteneciente al duodeno de conejos con signología entérica, se obtuvo un total de 9 muestras con amplicones a 300pb, que coincide con lo reportado por Mesquita et al (2012) representado un total de 8.5% de conejos sugerentes positivos a Norovirus.

### Resumen de discusión

En relación a la signología presentada en los conejos productores de carne de la zona sur-oriente del Estado de México, con un total de 106 muestras analizadas y 8.5% de muestras positivas y de ese último porcentaje todos los conejos presentaron diarrea, coincide de forma similar con lo reportado por Mesquita et al (2010), donde en este estudio se analizó un total de 105 muestras de caninos y obtuvo un 9% de muestras positivas con animales que presentaron diarrea, sin embargo en el porcentaje total difiere en un 40% para muestras positivas en perros con y sin signología entérica y en comparación con otro estudio realizado por Zimsek et al (2010) donde se analizaron un total de 108 muestras de bovinos similar al número de muestra de este estudio se obtuvo un porcentaje más bajo con un total de positivos del 1.9% incluyendo muestras de asintomáticos lo cual puede influir en la diferencia de porcentajes, como se observa en ambos estudios para caninos y bovinos.

Respecto al mecanismo de similitud que presenta Norovirus humano genotipo GII y la enfermedad hemorrágica de los conejos relacionado a los receptores HBGA (Leuthold et al. 2014), demuestra una amplia posibilidad que los conejos puedan desarrollar una infección por NoV propia, en el caso de los cerdos que también poseen receptores similares a los humanos genotipo GII y se encuentra en el mismo genogrupo, esta especie se ha utilizado como modelo de estudio para NoV humano, sin embargo se ha reportado que por la misma similitud y presencia de recombinaciones en su genoma ha logrado rebasar la barrera interespecie, planteando la posibilidad de eventos de zoonosis y antropozoonosis, para el genogrupo GII como lo reporta Hong et al (2005), de acuerdo a lo descrito anteriormente NoV de conejos puede ser una posibilidad real por que esta especie presenta los receptores de unión al virus similar al genogrupo GII de humanos o desarrollar eventos de zoonosis o viceversa como se ha demostrado en cerdos por la cercanía de genogrupo. Otras especies con este tipo de receptores como son los bovinos (Zakhour et al. 2009) y felinos (Di Martino, 2015).

### Conclusión

Se ha aportado evidencia de que la presencia de NoV en conejos de la zona sur-oriente del Estado de México, mediante técnicas moleculares y sustento bibliográfico puede ser posible, sin embargo es importante desarrollar más estudios que aporten una mayor información relacionado a este tema y su comportamiento genético.

### Referencias

- Chhabra, P., M. De Graf, G. I. Parra, M. C. W. Chan, K. Green, V. Martella, Q. Wang, P. A. White, K. Katayama, H. Vennema, M. P. G. Koopmans y J. Vinjé. 2019. Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. *Journal of General Virology*, 00(10), 1393–1406.
- Comité Nacional del Sistema Producto Cunicola (CNSP). Comité Nacional del Sistema Producto Cunicola. en <http://www.findglocal.com/MX/Mexico-City/497551230395300/Comit%C3%A9-Nacional-Sistema-Producto-Cun%C3%ADcola#:~:text=sistemaproductocunicola.org.mx%20El%20Comit%C3%A9,de%20la%20cunicultura%20mexicana%2C%20que> (Consulta: junio 9, 2021).
- Cotten, M., V. Petrova, M. V. T. Phan, M. A. Rabaa, S. J. Watson, S. H. Ong, P. Kellam y S. Baker. 2014. Deep Sequencing of Norovirus Genomes Define Evolutionary Patterns in an Urban Tropical Setting. *Journal of Virology*, 88(19), 11056-11069.
- Deeb, B. J y R. E DiGiacomo. 2000. Respiratory Diseases of Rabbits. *Veterinary Clinics of North America: Exotic Animal Practice*, 3(2), 465-480.
- Di Martino, B., F. Di Profio, I. Melegari, V. Sarchese, M. A. Cafiero, S. Robetto, G. Aste, G. Lanave, F. Marsilio y V. Martella. 2015. A novel feline Norovirus in diarrhetic cats. *Infectious Genetic Evolution*, 38, 132-137.
- García-Rubio. V. G., L.G. Bautista-Gómez, J. S. Martínez-Castañeda y C. Romero-Núñez. 2017. Multicausal etiology of the enteric síndrome in rabbits from México. *Revista Argentina de Microbiología*, 49(2), 132-138.
- Hong, W.Q., H. M. Guk, S. Cheetham, M. Souza, J. A. Funk y L. J. Saif. 2005. Porcine noroviruses related to human noroviruses. *Emerging Infectious Diseases*, 11(12), 1874-71.
- International Committee on Taxonomy of Viruses. *Taxonomy*. en <https://talk.ictvonline.org/taxonomy> (Consulta: junio 9, 2021).
- Leuthold, M. M., K. P. Dalton y G. S. Hansman. 2015. Structural Analysis of a Rabbit Hemorrhagic Disease Virus Binding to Histo-Blood Group Antigens. *Journal of Virology*, 84(9), 2378-2387.
- Martella, V., P. Moschidou, P. Pinto, C. Catela, E. Circella, K. Banyai, A. Lavazza, C. Magistrali, N. Decaro y C. Buonavoglia. 2011. Astroviruses in Rabbits. *Emerging Infectious Diseases*, 17(12), 2287-2293.
- Mesquita J. R., L. Barclay, M. S. J. Nascimento y J. Vinjé. 2010. Novel Norovirus in Dogs with Diarrhea. *Emerging Infectious Diseases*, 16(6), 980-982.
- Osterhaus, A. D., J. S. Teppema y G. V. Steenis. 1982. Coronavirus-like particles in laboratory rabbits with different syndromes in the Netherlands. *Laboratory Animal Science*, 32(6), 663-5.
- Parra, I. G. 2019. Emergence of norovirus strains: A tale of two genes. *Virus Evolution*, 5(2), vez048.
- Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA). Enfermedad Hemorrágica del Conejo. en <https://www.gob.mx/senasica/documentos/enfermedad-hemorragica-del-conejo> (Consulta: Junio 9, 2021).
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). en <https://www.gob.mx/siap> (Consulta: Junio 9, 2021).
- Zakhour, M., N. Ruvoën-Clouet, A. Charpilienne, B. Langpap, D. Poncet, T. Peters, N. Bovin y J. Le Pendu. 2009. The  $\alpha$ Gal Epitope of the Histo-Blood Group Antigen Family Is a Ligand for Bovine Norovirus Newbury Expected to Prevent Cross-Species Transmission. *PLOS PATHOGENS*, 5(7), e1000504.

Zimsek, M. J., M. Poljsak-Prijatelj, A. Steyer, D. Barlic-Maganja y S. Koren. 2010. Detection and molecular characterization of noroviruses and sapoviruses in asymptomatic swine and cattle in Slovenian farms.

### Notas Biográficas

El **M en C. Gabriela López Aguado Almazán** alumna del programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales del Centro Universitario UAEM, de la Universidad Autónoma del Estado de México, concluyó la Licenciatura como Medicina Veterinaria Zootecnista y la Maestría en Ciencias agropecuarias y Recursos Naturales en la misma, cuenta con publicaciones relacionadas a patógenos virales en especies como conejos y caninos, en capítulos de libros, revistas de difusión, colaboraciones en artículos con JCR y participaciones en congresos nacionales e internacionales.

La **Dra. Linda Bautista Gómez** es Profesora Investigadora de Tiempo Completo de la Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia del Centro Universitario UAEM Amecameca de la Universidad Autónoma del Estado de México. Cuenta con una licenciatura en Biología, en Maestra y Doctora en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales dentro de la Línea de Biotecnología Animal. Es miembro del Sistema Nacional de Investigadores , nivel I, cuenta con el perfil PRODEP otorgado por la SEP, ha dirigido diversas tesis de Licenciatura, Maestría y Doctorado, Autora y Coautora de artículos indexados a nivel internacional y nacional. Sus principales líneas de investigación son: Estudio Molecular y Relaciones Filogenéticas de Patógenos con Potencial Zoonótico, Dinámica Evolutiva y Genética de Poblaciones de patógenos.

El **Dr. José S. Martínez Castañeda** es Profesor Investigador de Tiempo Completo, del Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma del Estado de México. Es Médico Veterinario Zootecnista, de la UAEM, Maestro y Doctor en Biomedicina Molecular por el CINVESTAV. Miembro del Sistema Nacional de Investigadores Nivel 2, cuenta con perfil PROMEP. Sus líneas de investigación son el estudio molecular y evolución de las relaciones filogenéticas de Virus.

La **Dr. Salvador Fonseca Coronado** investigador de la Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán, cuenta con múltiples publicaciones relacionados a virus, expresión de genes y secuenciación masiva

### Apéndice

1. ¿Por qué las enteritis en conejos se consideran de origen multifactorial?
2. Mencione al menos dos virus relacionados a patologías entéricas de los conejos
3. Nombre al menos tres virus pertenecientes a la familia *Caliciviridae*
4. ¿Cuánto mide el genoma de Norovirus?
5. ¿Cuáles son los marcos de lectura que posee Norovirus?
6. ¿En cuántos subdominios se divide el dominio P de NoV?
7. ¿Cuál es la longitud en pares de base del marco de lectura ORF3?
8. ¿En qué especies puede estar presente Norovirus?
9. ¿En cuántos genogrupos puede ser clasificado y a que especies pertenecen?
10. ¿Cuáles son los receptores para Norovirus?