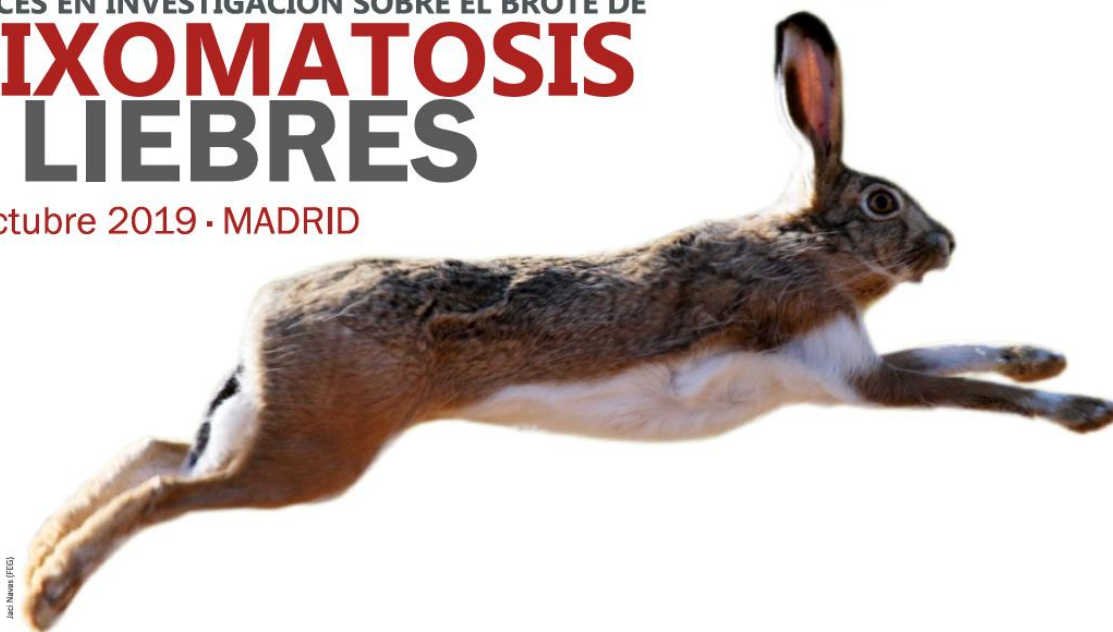


Análisis del genoma del virus mixoma de la liebre ibérica

mixolepus
AVANCES EN INVESTIGACIÓN SOBRE EL BROTE DE
MIXOMATOSIS
en **LIEBRES**
30 octubre 2019 · MADRID

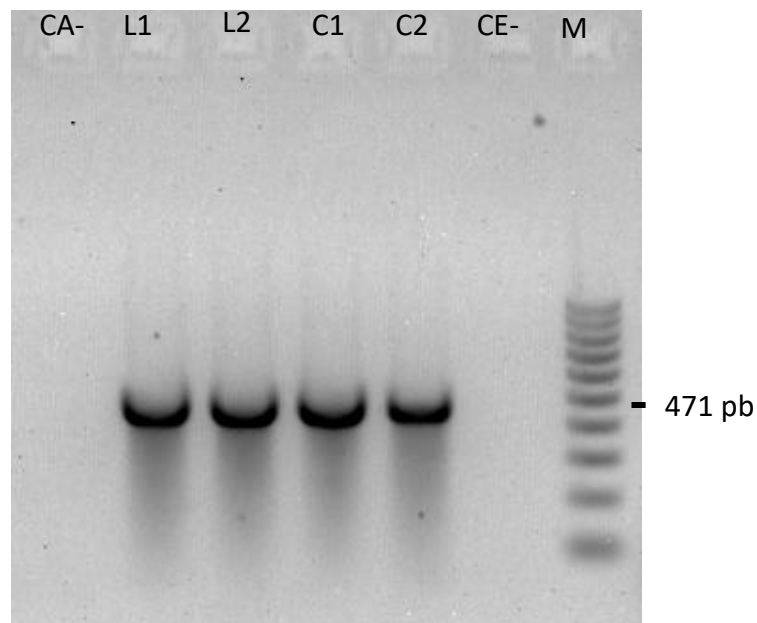
mixolepus



Montserrat Agüero

DIAGNÓSTICO DE MIXOMATOSIS EN LNR (LCV)

Cavadini et al; Vaccine 28 (2010) 5414–5420. Gen M071 (amplicon nt 67229-67700)



CASOS CONFIRMADOS MIXOMATOSIS

JULIO 2018 - MARZO 2019

- 260 Liebre ibérica (9 CCAA)
- 18 Conejo silvestre

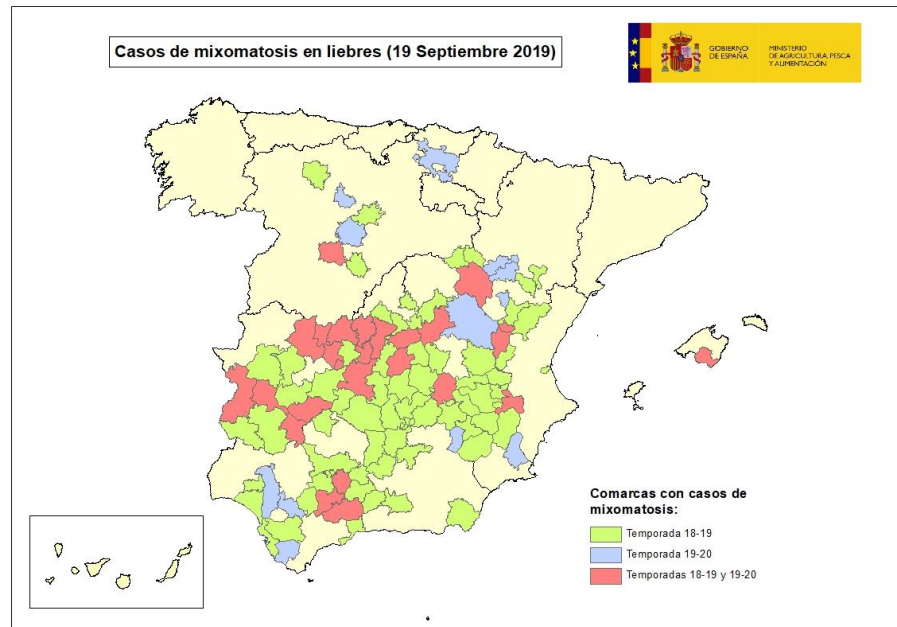
ABRIL 2019 - OCTUBRE 2019

- 98 Liebre ibérica (9 CCAA)
- 10 Conejo silvestre

NO ≠ VIRUS MIXOMA DE LIEBRE (haMYXV) DE VIRUS MIXOMA CLASICO (MYXV)

AISLADOS MIXOMATOSIS EN LIEBRES (LCV)

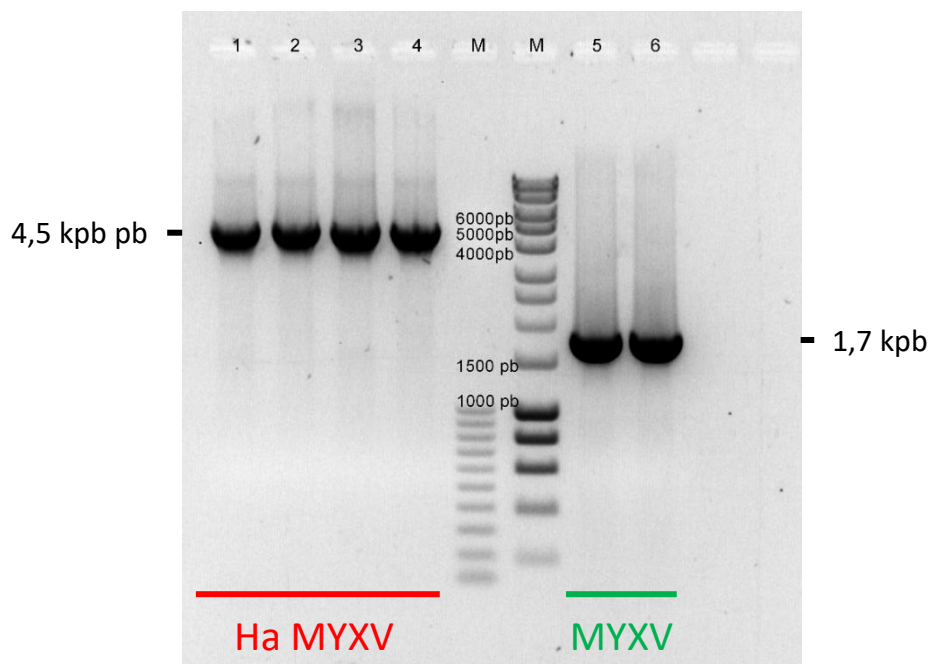
CCAA	Provincia	Especie
Andalucía	Córdoba	Liebre
	Jaén	Liebre
	Málaga	Liebre
	Sevilla	Liebre
	Granada	Liebre
	Cádiz	Liebre
	Huelva	Liebre
	Almería	Liebre
CLM	Cuenca	Liebre
	Ciudad Real	Liebre
	Toledo	Liebre
	Albacete	Liebre
	Guadalajara	Liebre
C. Valenciana	Valencia	Liebre
Extremadura	Badajoz	Liebre
	Caceres	Liebre
C. Madrid	Madrid	Liebre
Murcia	Murcia	Liebre
C y L	Soria	Liebre
	Valladolid	Liebre
	Palencia	Liebre
Aragón	Zaragoza	Liebre
	Teruel	Liebre
Islas Baleares	Mallorca	Liebre
P. Vasco	Alava	Liebre



Objetivo **aislar virus** al menos del 1er caso de mixomatosis en liebre de **cada provincia** afectada en **cada temporada**

DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE haMYXV y MYXV

Gen M009



LIEBRES MIXO POSITIVAS ANALIZADAS: 83

- 82 Tipo ha-MYXV
- 1 Tipo MYXV (Teruel)

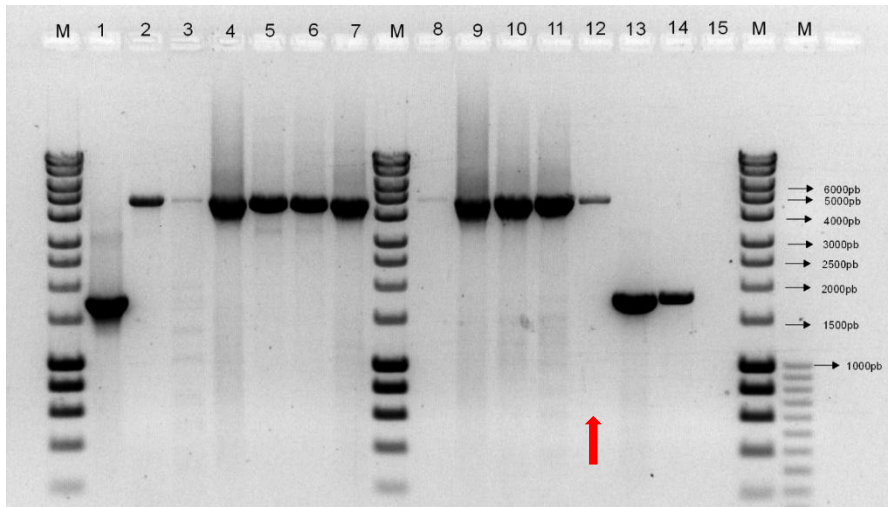
CONEJOS SILVESTRES MIXO POSITIVOS COETANEOS DE ZONAS CON LIEBRES AFECTADAS: 28

- 27 Tipo MYXV
- 1 Tipo ha-MYXV (Toledo)

1: L Valladolid 2019; 2: L Ávila 2019; 3: L Málaga; 4: L Palencia 2019;

5: C Castellón 2019; 6: C Málaga 2019

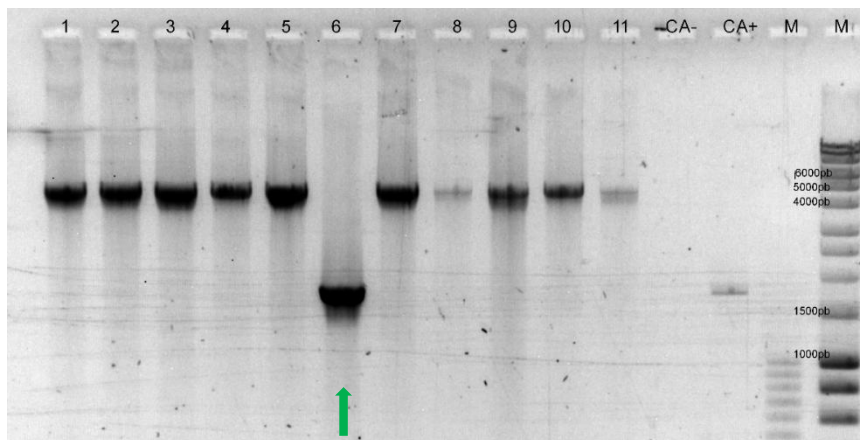
DIAGNÓSTICO DIFERENCIAL DE haMYXV y MYXV Gen M009L (1,7- 4,5 kpb)



1: C P. Vasco 2015; 2: L Córdoba ; 3: L Jaén; 4: L Cuenca ; 5: L C.Real; 6: L C.Real ; 7: L Málaga; 8: L Badajoz ; 9: L Madrid; 10: L Toledo; 11: L Toledo; 12: **C Toledo 2018**; 13: C Galicia 2009; 14: C Galicia 2009(-1); 15: CA-

Resumen:

- Los virus detectados en **conejo silvestre** anteriores a julio 2018 son del **tipo MYXV**
- Los virus detectados en **liebre ibérica** son del **tipo ha-MYXV**, **excepto 1 liebre de Teruel**
- Los virus detectados en **conejo silvestre** desde julio 2018 - octubre 2019 son del **tipo MYXV**, **excepto 1 conejo de Toledo**

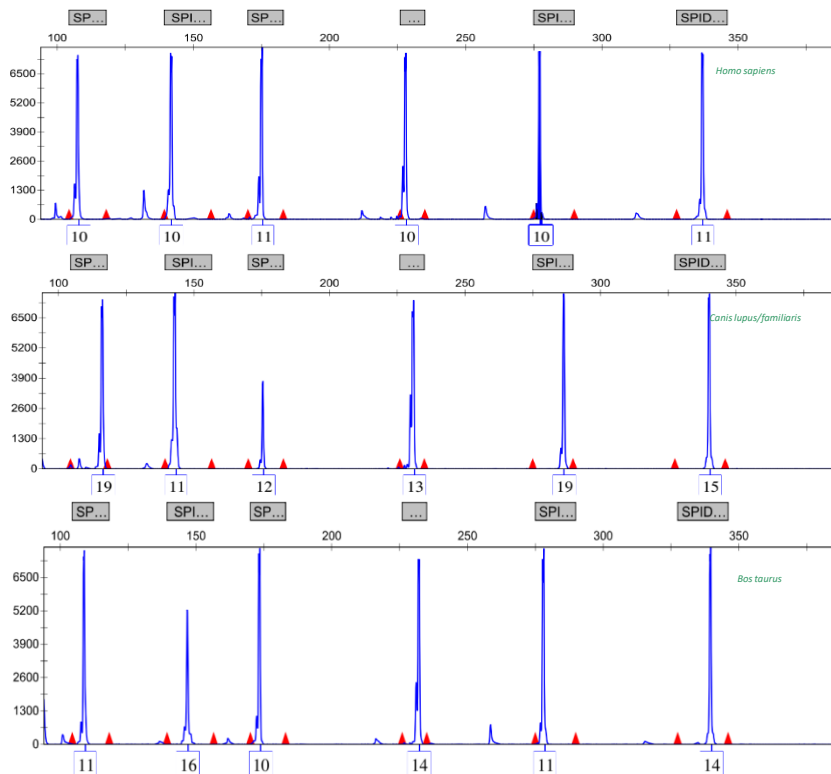


1: L Valladolid 2019; 2: L Valladolid 2019; 3: L Valladolid 2019; 4: L Ávila 2019; 5: L Valladolid 2019; 6: **L Teruel 2019** 7: L Cuenca 2019; 8: L Badajoz 2019; 9: L Cádiz 2019; 10: L Sevilla 2019; 11: L Málaga 2019

Elevada especificidad de especie huésped de ambos tipos de virus

DETERMINACIÓN MOLECULAR DE ESPECIE *SpinDel* (Species Identification by Insertions/Deletions)

Análisis mediante electroforesis capilar de regiones hipervariables de genes ribosómicos mitocondriales amplificadas mediante PCR múltiple (Pereira et al; 2010)

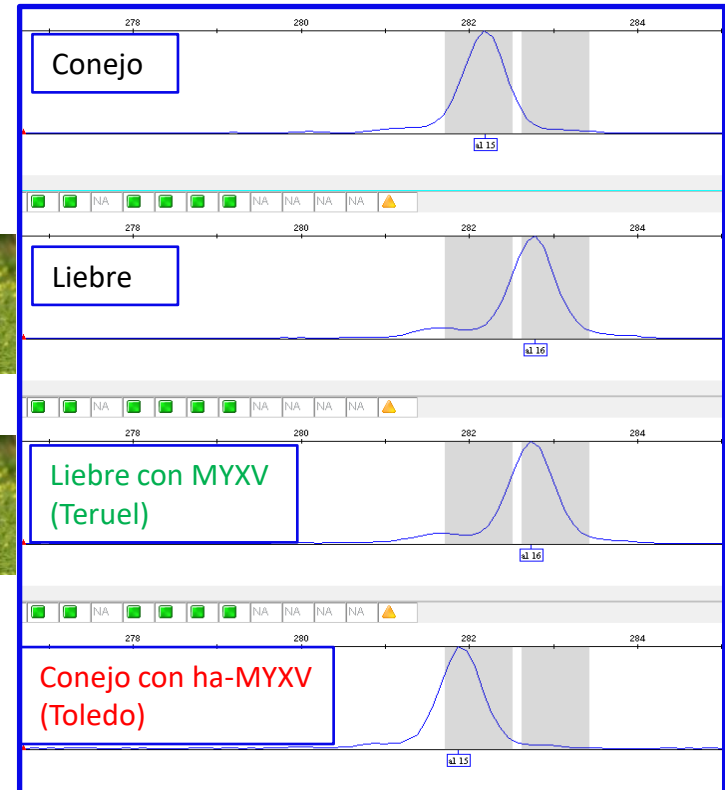
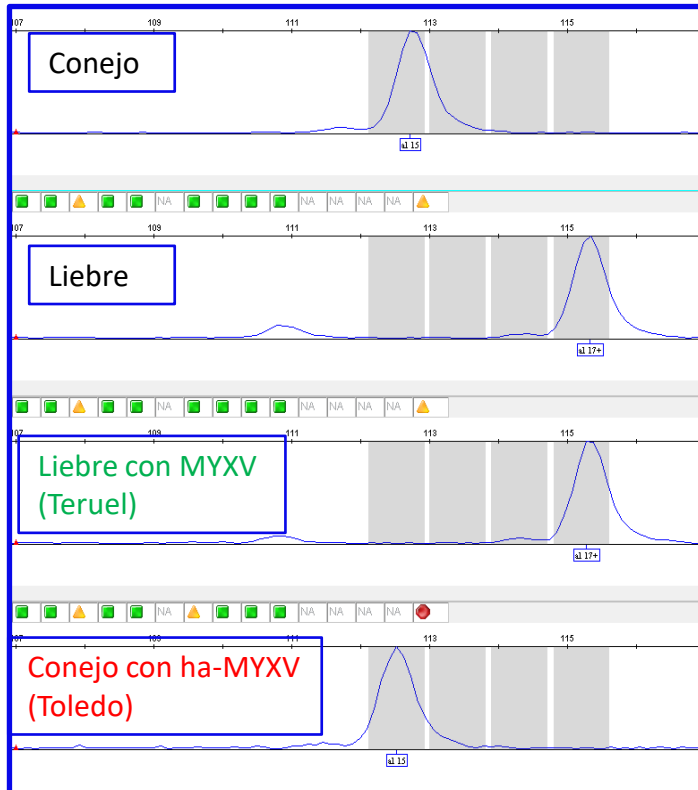


Specie	SPID2176	SPID1350	SPID639	SPID1051	SPID2975	SPID2173
<i>Canis familiaris</i> (dog)	19	11	12	13	19	15
<i>Canis familiaris</i> (wolf)	19	11	12	13	19	15
<i>Vulpes vulpes</i> (fox)	18	11(11+)	12	13(13+)	20+(21)	13
<i>Felis catus</i> (cat)	13	13	14	14+(15)	19	12
<i>Felis silvestris</i> (wildcat)	13	13	14	14+(15)	19	12
<i>Lynx pardinus</i> (iberian linx)	15	13	14	15	20	11
<i>Homo sapiens sapiens</i> (human)	10	10	11	10	10	11
<i>Sus scrofa domesticus</i> (pig)	14	17	13	13+	16	10
<i>Sus scrofa ferus</i> (boar)	14	17	13	13+	16	10
<i>Mus musculus</i> (mouse)	11	10	11	15	10+	19
<i>Oryctolagus cuniculus</i> (rabbit)	17	10+	12(11+)	13	16	17
<i>Lepus granatensis</i> (hare)	15	11(10+)	11+	13	15	17
<i>Equus caballus</i> (horse)	18	25	16	15(15+)	17	15
<i>Equus asinus</i> (donkey)	18	25	15	15(15+)	17	15
<i>Lama pacos</i> (alpaca)	10+	25	-	14	15	10+
<i>Martens foina</i> (marten)	16	14+(15)	13	14	20	10
<i>Mustela putorius</i> (ferret)	15+	14+(15)	15	14	19	11
<i>Neovison vison</i> (vison)	15+	14+(15)	15	14	19	11
<i>Meles meles</i> (badger)	15	14+(15)	-	14	-	14
<i>Ceratotherium simum</i> (white rhino)	18	23	16	14+	16+(17)	13
<i>Ursus arctos</i> (iberian bear)	14	11(10+)	16	13+(14)	20	14
<i>Bos taurus</i> (cow)	11	16	10	14	11	14
<i>Bubalus bubalis</i> (water buffalo)	11+	17	9	14	12	13
<i>Bison bonasus</i> (bison)	11	16	10	13+(14)	11	14
<i>Capra hircus</i> (goat)	11	14+	11+	14	13	14
<i>Ovis aries</i> (sheep)	11	15	13	14	12	16
<i>Cervus elaphus</i> (deer)	11	16	9	14	13+(13)	13
<i>Capreolus capreolus</i> (roe deer)	11	15	9+	14	12+(13)	13
<i>Dama dama</i> (fallow deer)	-	15+(16)	9	14	13+	13

DETERMINACIÓN MOLECULAR DE ESPECIE *SpinDel*

SPID2716

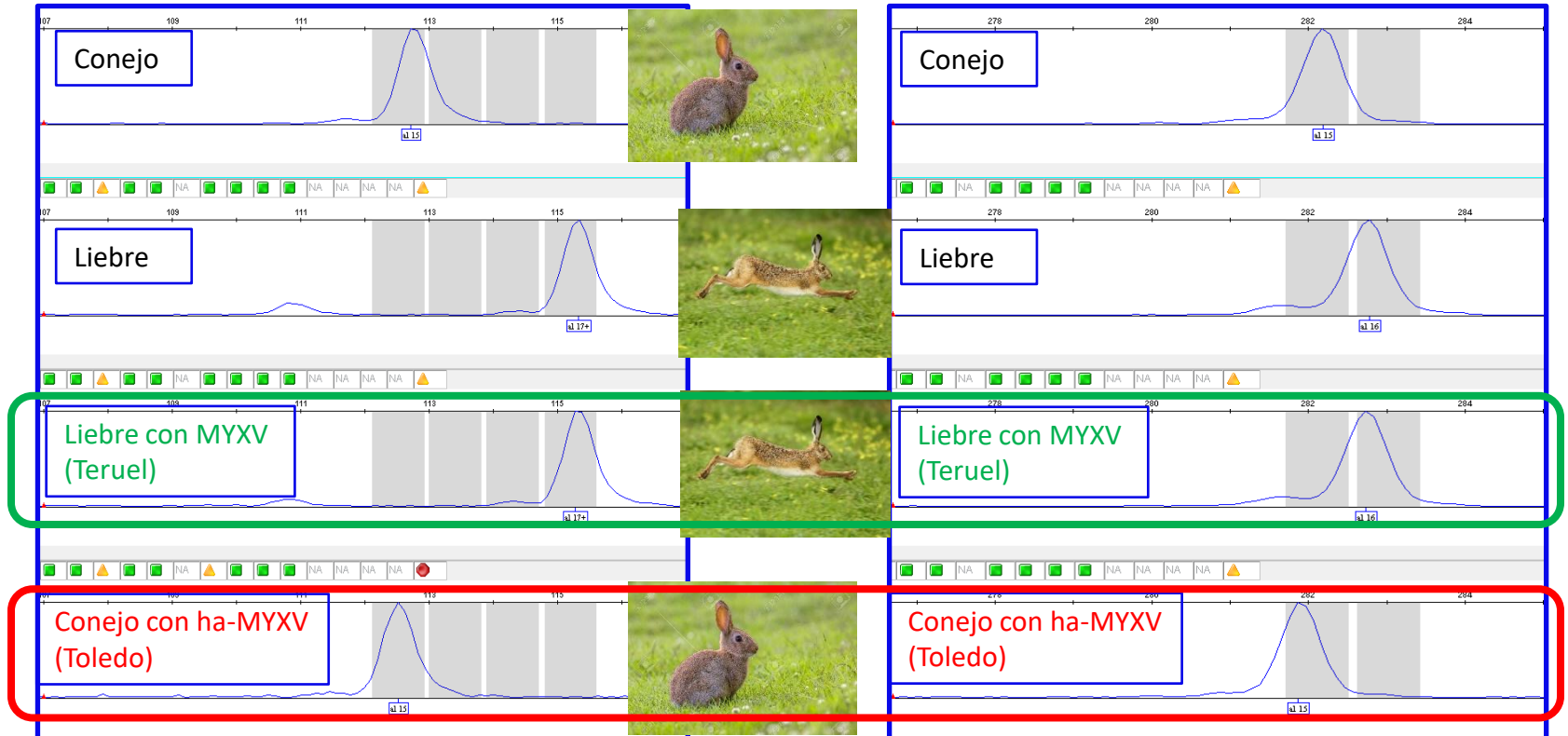
SPID2975



DETERMINACIÓN MOLECULAR DE ESPECIE *SpinDel*

SPID2716

SPID2975



ha-MYXV de conejo: en análisis la secuenciación completa del genoma

CONCLUSIONES

- ✓ El genoma del virus causante del brote de mixomatosis en liebre ibérica en España (ha-MYXV) es distinto al virus clásico de conejo (MYXV), presentando una inserción de gran tamaño (2,8 kpb)
- ✓ Disponemos de un método diagnóstico capaz de diferenciar los dos tipos de virus
- ✓ Ambos virus parecen tener alta especificidad en el rango de huésped. En todos los casos de mixomatosis en liebre ibérica estudiados, excepto uno, el virus detectado ha sido tipo liebre (ha-MYXV); mientras que, en todos los conejos silvestres coetáneos de zonas con liebres afectadas, excepto uno, se ha detectado el virus tipo clásico (MYXV)
- ✓ El tamaño de la región insertada del genoma de ha-MYXV ha permanecido estable en el virus circulante en el período julio 2018-septiembre 2019. Se han detectado algunas mutaciones puntuales y pequeñas deleciones/adiciones que están siendo estudiadas

- A Dolores Buitrago, Jose Antonio Bouzada, M^a José Ruano, Azucena Sánchez, y el resto del personal técnico del LCV por la realización del trabajo que se presenta
- A todos los asistentes a esta jornada

GRACIAS!

