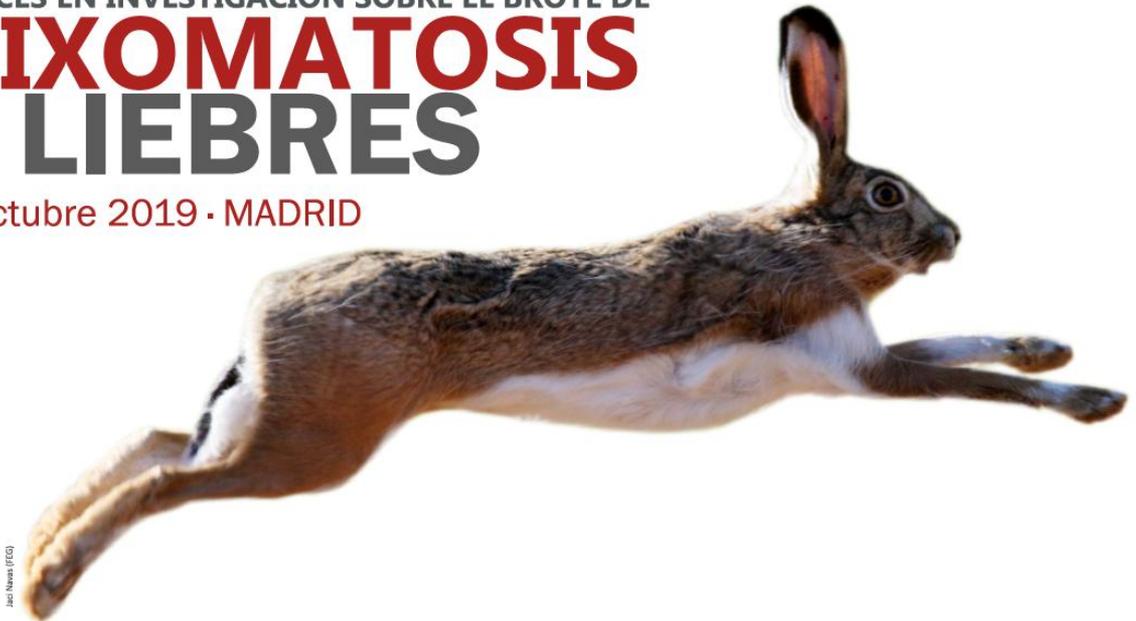


Análisis del genoma del virus mixoma de la liebre ibérica

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

mixolepus



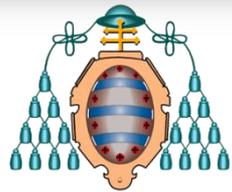
Kevin Dalton
Francisco Parra



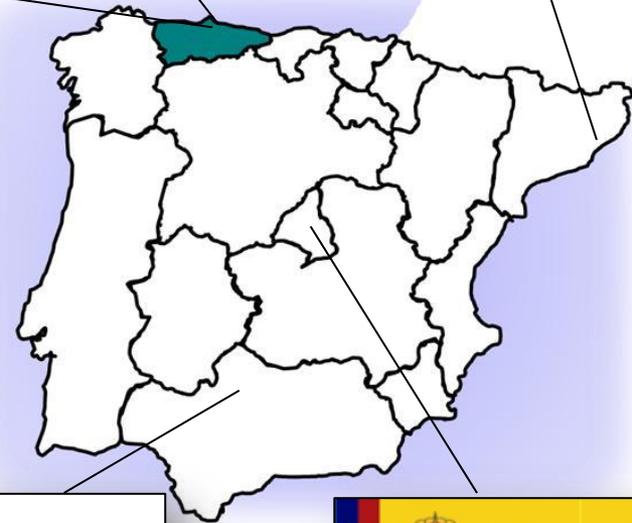
Universidad de Oviedo
La Universidad de Asturias



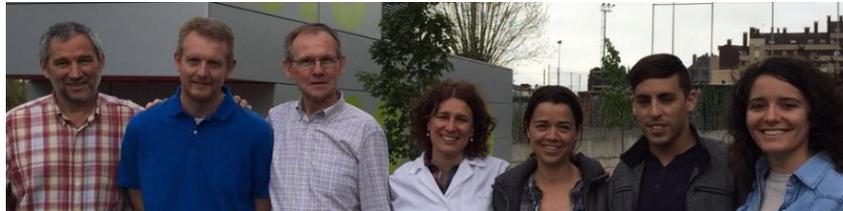
El equipo de investigación



UNIVERSIDAD DE OVIEDO



Molecular Virology and Parasitology Laboratory



Kevin Dalton
email: daltonkevin@uniovi.es
Francisco Parra
fparra@uniovi.es



Laboratorio Central de Veterinaria de Algete

La mixomatosis en España

Veterinary Microbiology 178 (2015) 208–216



Contents lists available at ScienceDirect

Veterinary Microbiology

journal homepage: www.elsevier.com/locate/vetmic



Vaccine breaks: Outbreaks of myxomatosis on Spanish commercial rabbit farms

K.P. Dalton^{a,*}, I. Nicieza^a, D. de Llano^a, J. Gullón^b, M. Inza^c, M. Petralanda^c, Z. Arroita^c, F. Parra^a

^a Departamento de Bioquímica y Biología Molecular, Edificio Santiago Gascón, Campus El Cristo, Universidad de Oviedo, 33007 Oviedo, Asturias, Spain

^b COGAL Cogal, S. Coop, Gañega, 36530 Rodeiro, Pontevedra, Spain

^c Federación de Cunicultores de Euskadi, C/ Juan XXIII, 16 B-3, 20730-Aspetta, Gipuzkoa, Spain



Genetic type	RFLP
A	0
B	1
C	2
D	3
E	5
F	1,5
G	2,4
H	1,3,5

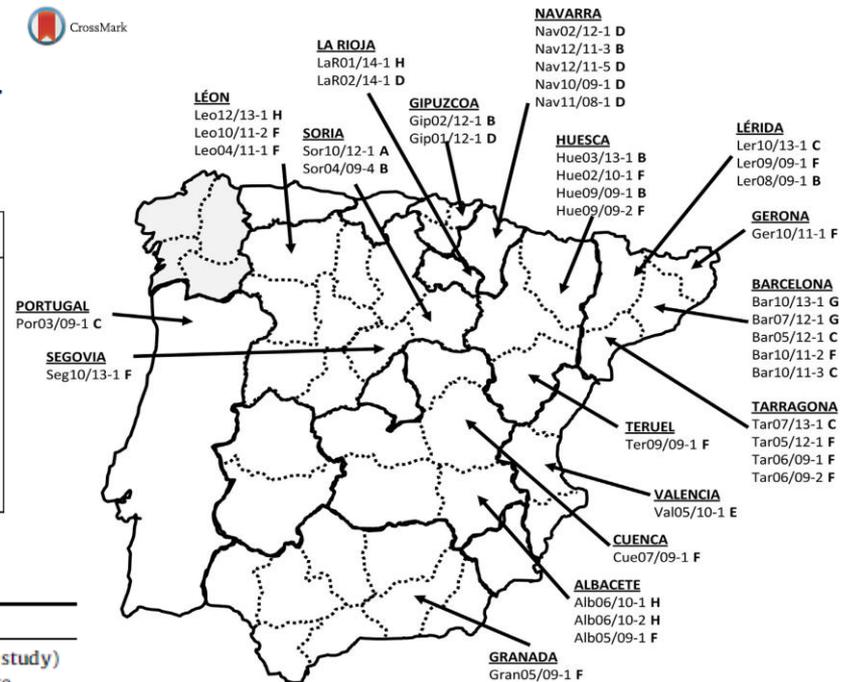
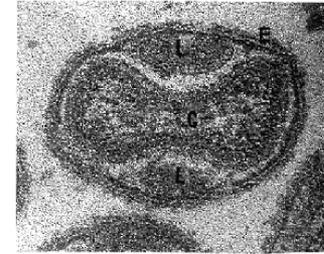
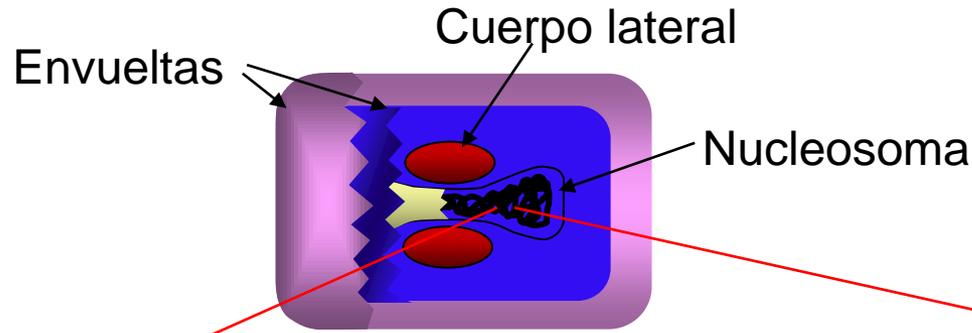


Table 2

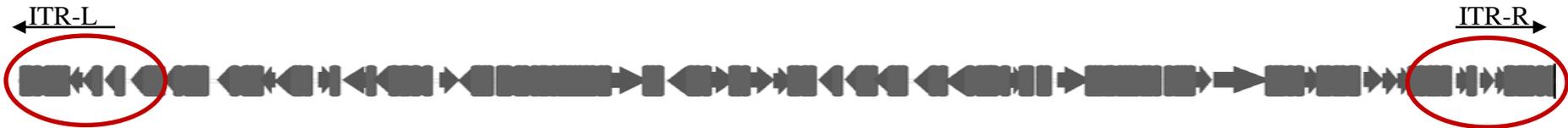
RFLPs used to differentiate MYXV strains causing outbreaks on Spanish farms.

RFLP number	Mutation: phenotype
0	No mutation (Identical to Lausanne strain in the regions of study)
1	21 nt deletion (12361–12340) in M009 ORF: loss of Mlul site
2	T12361 C in M009 ORF: Mlul site loss
3	G12087A in M009 ORF: introducing stop codon
4	G12087T in M009 ORF: W–C aa change
5	C4937T/G156837A in M005 ORF (contained in TIR): Mlul site loss

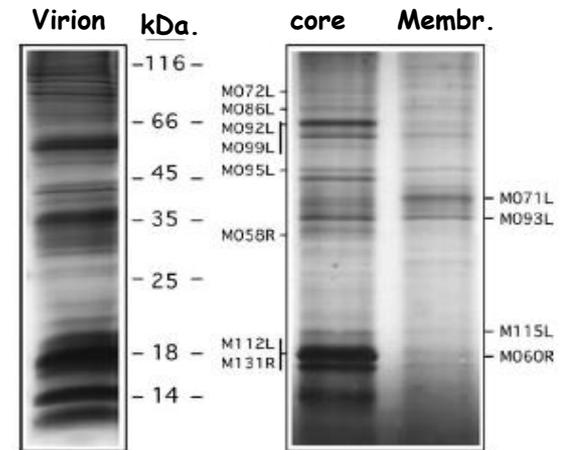
El virus de mixoma



Genoma lineal de DNA de cadena doble (AF170726)



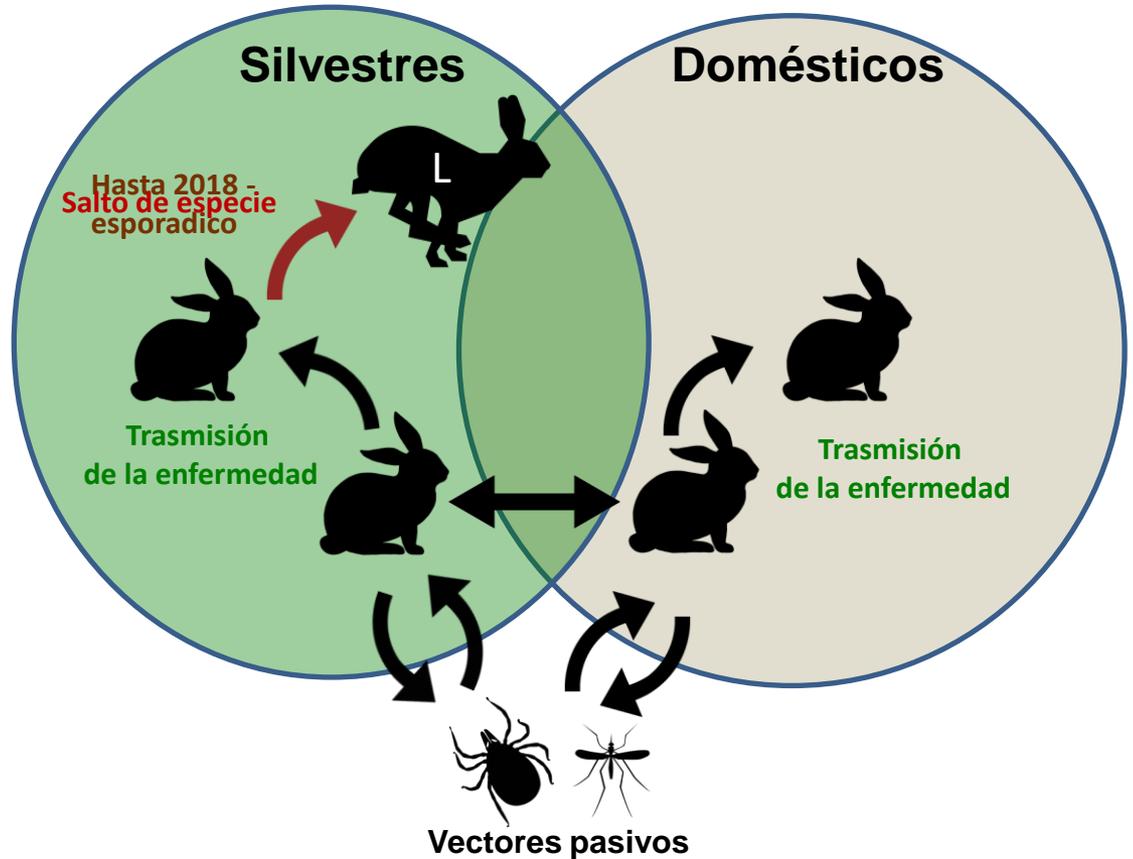
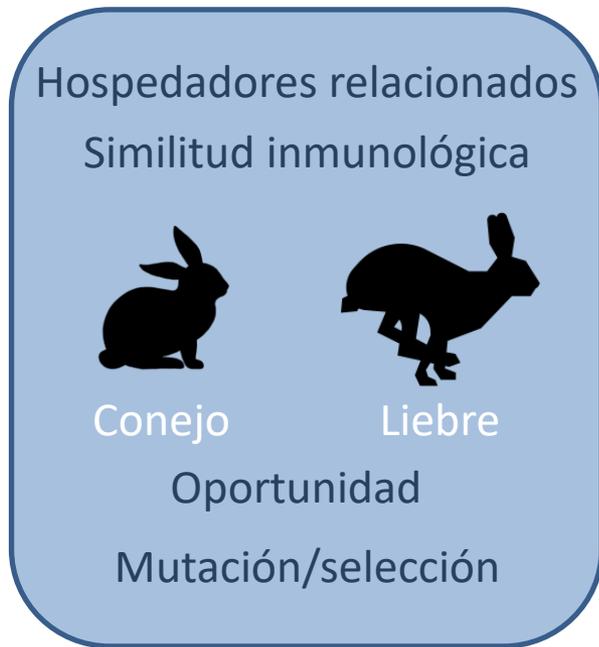
El genoma de 161,8 kb contiene **171 genes/ORFs**



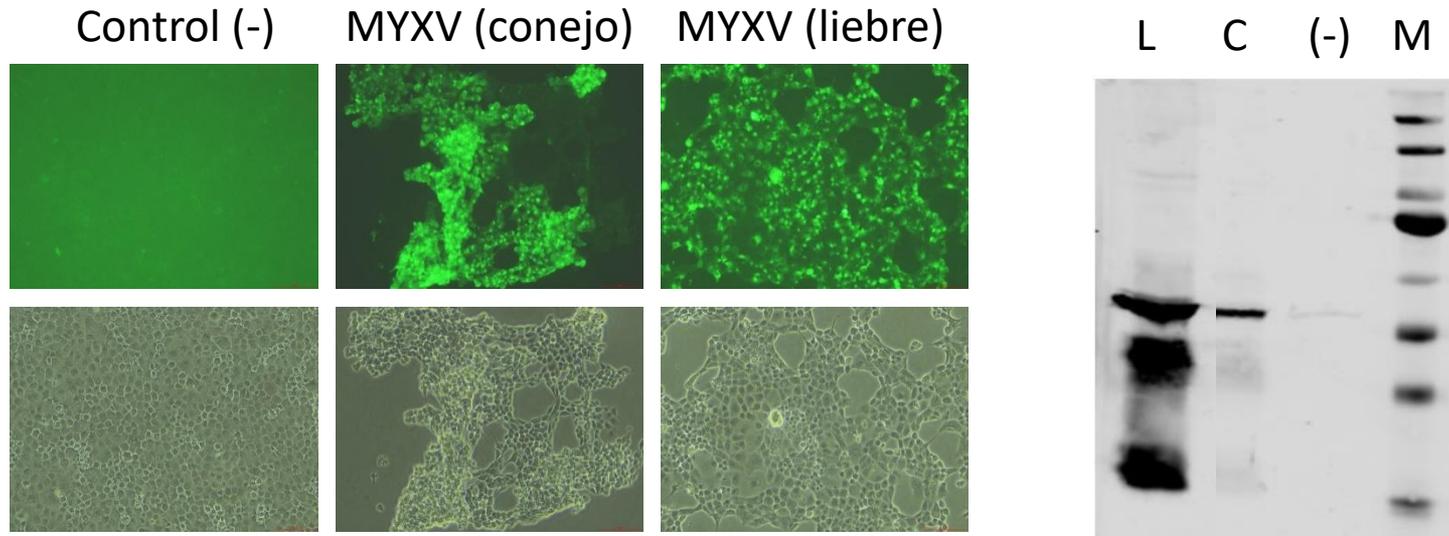
Zachertowska et al., 2006. J. Virol. Meth. 132: 1-12

La mixomatosis

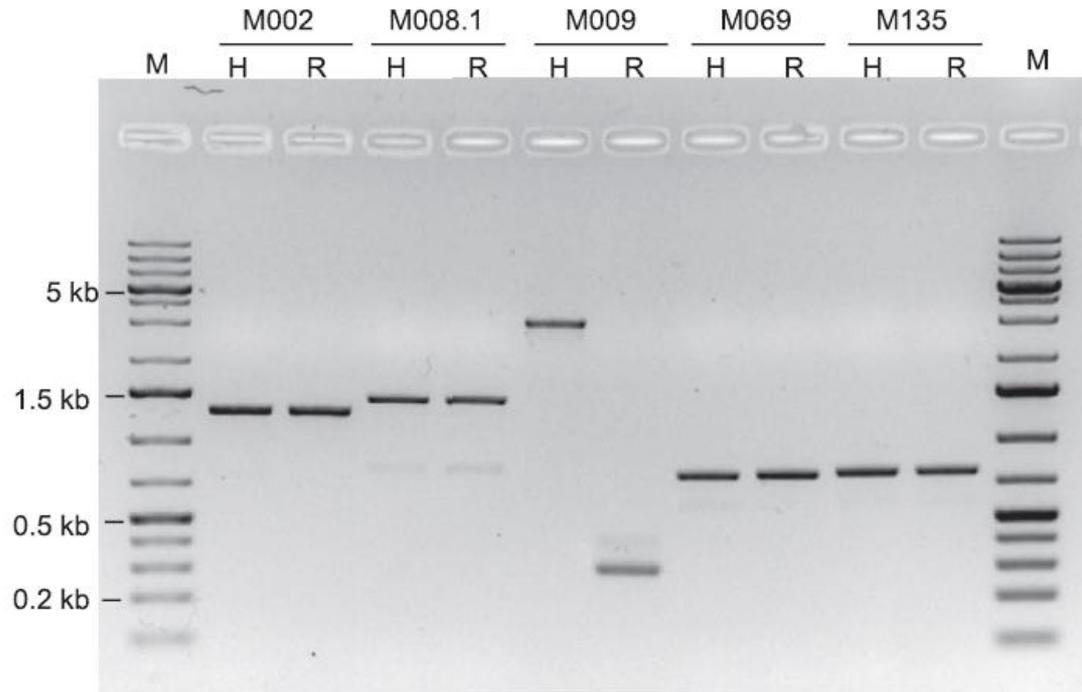
una enfermedad compartida



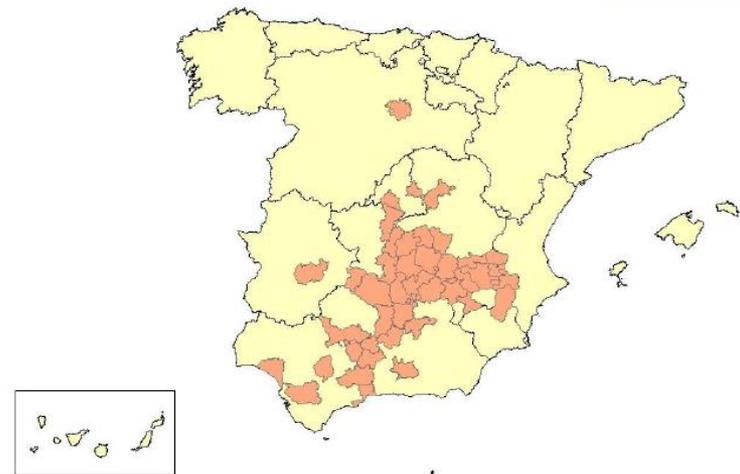
Primeros estudios



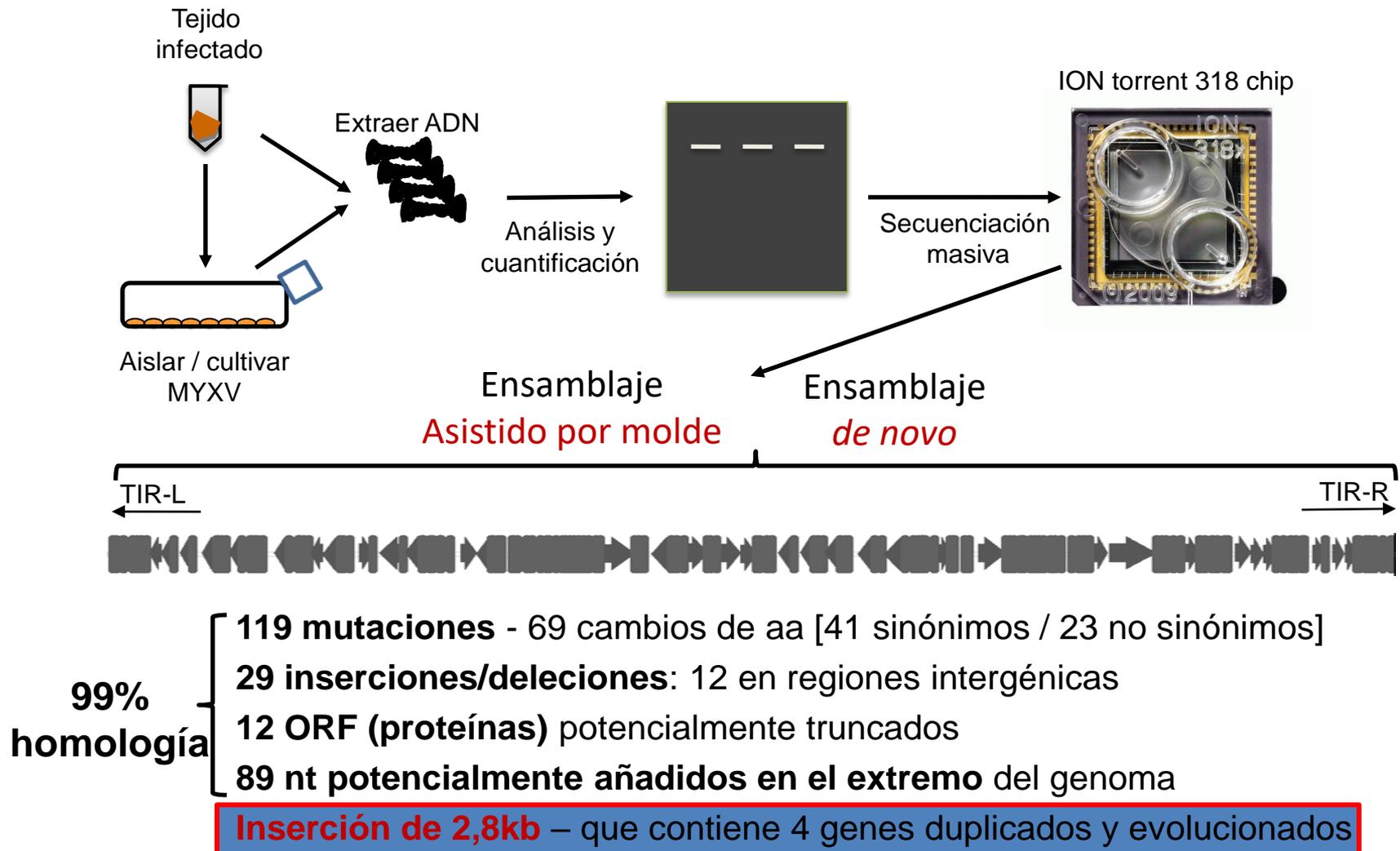
Myxoma virus jumps species to the Iberian hare



Evolución semanal de casos de mixomatosis en liebres
6 noviembre 2018

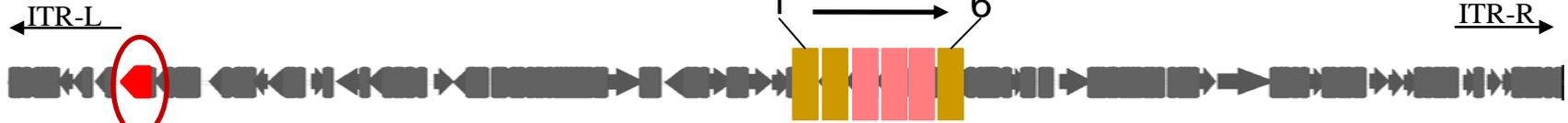


Secuenciación masiva



Modelo de evolución de hMYXV

MYXV

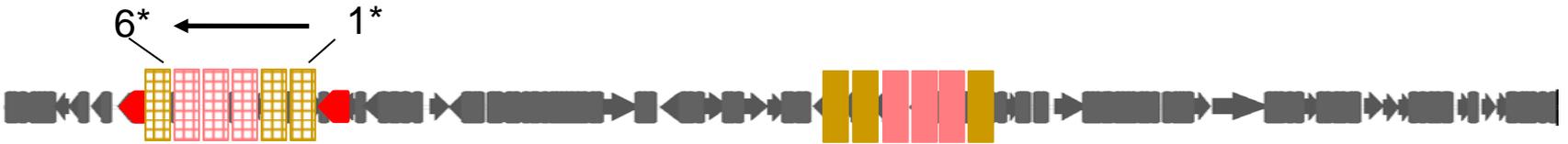


M009L

1. Duplicación de genes

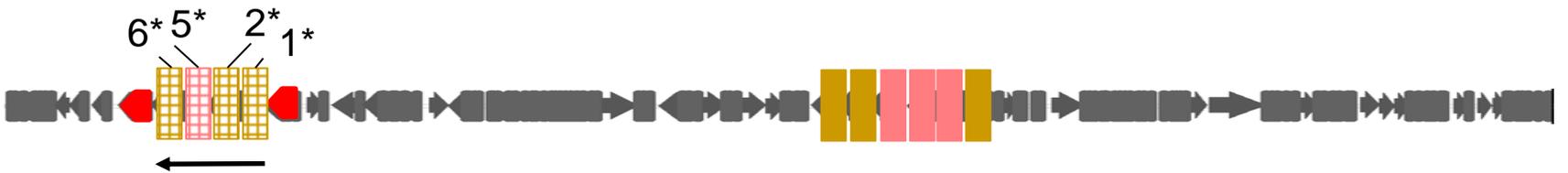


2. Mutación/selección



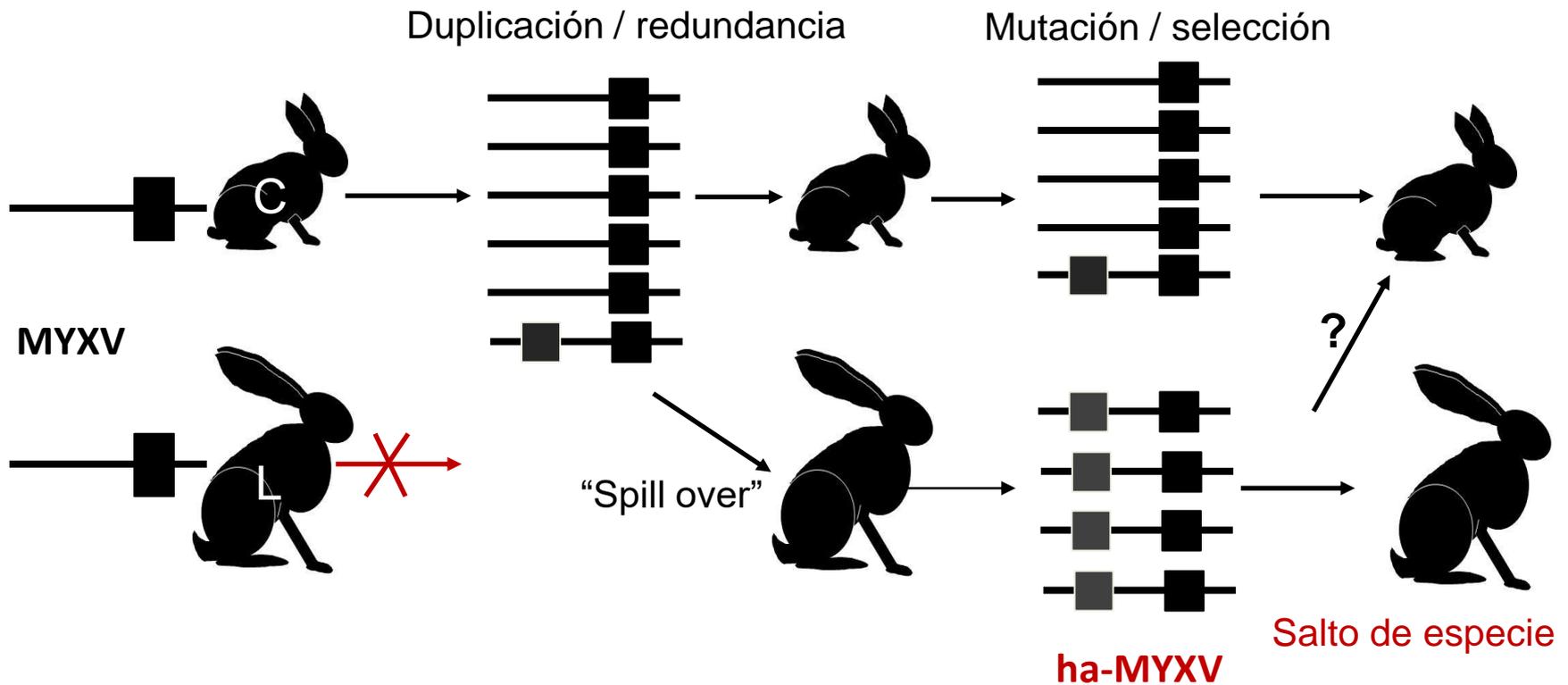
3. Selección / contracción

ha-MYXV



Ins-H1

Modelo de salto de especie



La mixomatosis de las liebres es un fenómeno natural
Es consecuencia del proceso evolutivo del virus mixoma

Futuras investigaciones

- Estudiar la **estabilidad genómica** de ha-MYXV
- Desarrollar nuevos **métodos de diagnóstico específicos** para la mixomatosis de la liebre
- **Apoyar** a los laboratorios de diagnóstico proporcionando información genética y métodos para **mejorar el control** de esta enfermedad
- **Descifrar la función** de los genes involucrados en el salto de especie.

Análisis del genoma del virus mixoma de la liebre ibérica

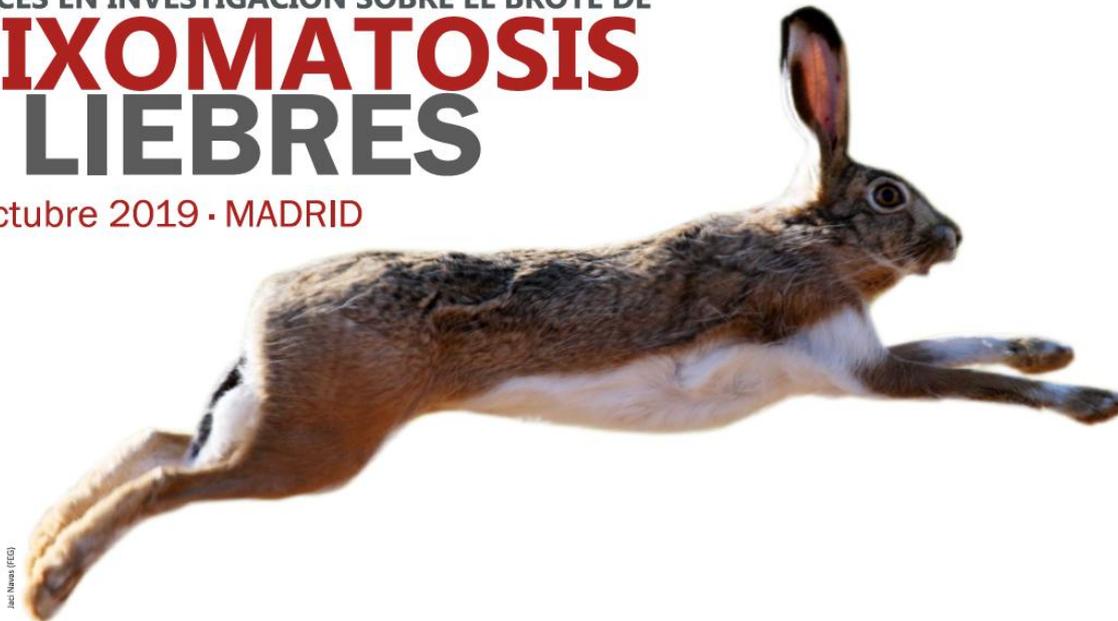
mixolepus

AVANCES EN INVESTIGACIÓN SOBRE EL BROTE DE

MIXOMATOSIS
en **LIEBRES**

30 octubre 2019 · MADRID

mixolepus



Jacó Navas (ITECI)



Universidad de Oviedo
La Universidad de Asturias



INSTITUTO
UNIVERSITARIO DE
BIOTECNOLOGÍA
DE ASTURIAS



GOBIERNO
DE ESPAÑA

MINISTERIO
DE ECONOMÍA
Y COMPETITIVIDAD



INIA
Instituto Nacional de Investigación
y Tecnología Agraria y Alimentaria

INTERCUN



Organización
Interprofesional
Cunicola