

Utilización de la metagenómica para la detección de nuevos virus en cetáceos

Consuelo Rubio Guerri

crubio1@estumail.ucm.es

Tutores

Ana de Las Heras Sánchez. José Manuel Sánchez-Vizcaíno Rodríguez

Resumen: En los últimos años el mundo de los cetáceos ha generado un gran interés tanto científico como sanitario, y existe una gran sensibilidad por parte de la población general. Debido a su papel como animales centinelas en el ecosistema marino, es fundamental el estudio de la presencia de posibles agentes patógenos en estos animales. Poseemos muy poca información sobre el aspecto sanitario de los cetáceos, y en especial, el conocimiento de los virus es muy limitado. Actualmente, sólo se han diagnosticado 4 virus: *Morbillivirus* y *Herpesvirus* son los más estudiados, y existen PCR para su detección; en cambio, para *Poxvirus* y *Papillomavirus*, aún se está trabajando para crear PCR específicas. Para la detección e identificación de posibles nuevas variantes y estirpes virales estamos desarrollando un rastreo metagenómico, nunca antes llevado a cabo en estos animales. Se ha seguido el procedimiento descrito por Allander et al. 2005, basado en el enriquecimiento en ADN y ARN virales de la muestra mediante centrifugación de la misma y la destrucción de los ácidos nucleicos del hospedador con DNasa y RNasa, seguido del aislamiento y marcado mediante copia al azar del ADN y ARN, su amplificación, y su posterior análisis por pirosecuenciación para la obtención de librerías genómicas. El análisis de las librerías mediante diferentes software permitirá la identificación de los patógenos y la posible reconstrucción del genoma viral. Por lo tanto, la identificación de nuevos virus, y el conocimiento de su secuencia, facilitará el diseño de técnicas convencionales para su detección y estudio.

Palabras clave: Cetáceos. Metagenómica. Virus desconocidos.

[Investigación Aplicada](#)
[Comunicación Oral](#)

Recibido: 29 marzo 2011.

Aceptado: 1 abril 2011.