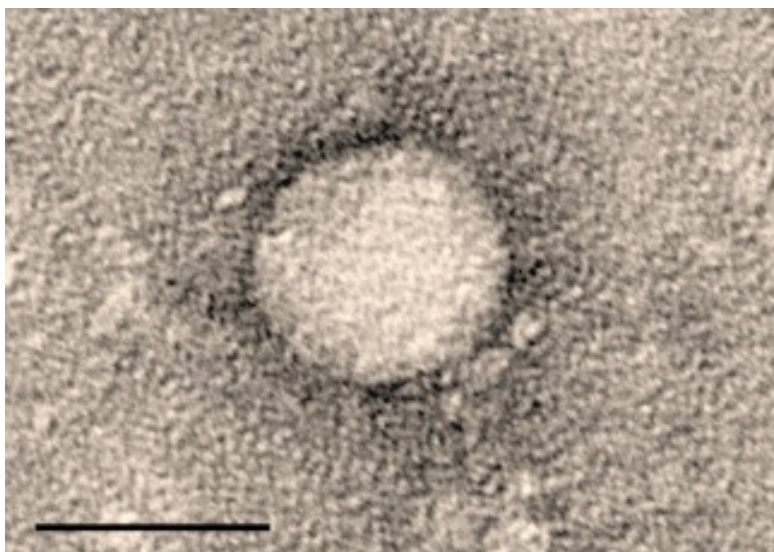


12/2010

Luchar contra los virus en las granjas siguiendo su evolución filogenética



La irrupción del análisis genético como método de diagnóstico de enfermedades ha supuesto un avance importante, algo de lo que la industria ganadera se está beneficiando. El estudio de las secuencias de nucleótidos de los virus permite hacer reconstrucciones filogenéticas que permitirán deducir características de estos agentes patógenos, pudiendo seguir la evolución del virus y trazar el origen de un brote. Este tipo de estudio permitirán, en un futuro, controlar exitosamente las enfermedades a las granjas.

En los últimos años, la producción ganadera ha sufrido grandes cambios, lo que ha afectado la presencia de las enfermedades de los animales de granja, requiriendo medidas de control más sofisticadas. Al mismo tiempo, han aparecido nuevos métodos de diagnóstico basados en la secuenciación del material genético de los virus. La obtención de secuencias de nucleótidos permite el estudio de la evolución de los virus mediante reconstrucciones filogenéticas. Estas reconstrucciones se pueden utilizar para deducir características de los virus por su parecido con cepas ya conocidas y para realizar estudios epidemiológicos. Es decir, dos cepas de un mismo virus muy similar a nivel genético suelen compartir características como la virulencia hacia el

huésped o la protección cruzada. Además, las reconstrucciones filogenéticas permiten seguir la evolución del virus y trazar el origen de un brote.

Al calcular reconstrucciones filogenéticas hay una serie de puntos a tener en cuenta. La selección de las secuencias a utilizar, el mejor de los métodos de reconstrucción filogenética y cómo evaluar la solidez del árbol filogenético obtenido pueden tener grandes repercusiones a la hora de obtener un análisis fiable. Recientemente, hemos realizado una revisión de estos puntos donde también se dan una serie de ejemplos de aplicaciones actuales y futuras de las reconstrucciones filogenéticas en el control de enfermedades de animales de granja.

Alex Olvera van der Stoep

alex.olvera@cresa.uab.cat

Referencias

"Applying phylogenetic analysis to viral livestock diseases: Moving beyond molecular typing". Olvera, Alex; Busquets, Nuria; Cortey, Martí; de Deus, Nilsa; Ganges, Lillianne; Ignacio Nuñez, Jose; Peralta, Bibiana; Toskano, Jennifer; Dolz, Roser. VETERINARY JOURNAL, 184 (2): 130-137 MAY 2010.

[View low-bandwidth version](#)