



---

---

Universidad Autónoma del Estado de México  
Centro Universitario UAEM Amecameca

Licenciatura en Medicina Veterinaria y Zootecnia

## TESIS

PARA OBTENER EL TÍTULO DE MÉDICA VETERINARIA  
ZOOTECNISTA

DISEÑO DE PRIMERS PARA LA IDENTIFICACIÓN  
MOLECULAR DE ASTROVIRUS EN CONEJOS

Presenta

Gabriela López Aguado Almazán

Asesora

Dra. Linda Guiliana Bautista

Co Asesor

Dr. Camilo Romero Núñez

ÍNDICE	Página
Índice de figuras	V
Índice de tablas	VI
Dedicatorias	VII
Agradecimientos	VIII
Resumen	IX
1. Introducción	1
2. Antecedentes virus	2
2.1. Virus	2
2.1.1. Definición	2
2.1.2. Características	2
2.1.3. Estructura	3
2.1.4. Replicación y modo de infección	4
2.2 Clasificación	7
2.2.1. Virus RNA	7
2.2.2. Tipos de virus RNA	8
2.2.2.1. Virus RNA de polaridad positiva	8
2.2.2.1.1. Picornavirus	9
2.2.2.1.2. Flavivirus	10
2.2.2.1.3. Coronavirus	10
2.2.2.2. Virus RNA de polaridad negativa	12
2.2.2.2.1. Bunyavirus	12
2.2.2.2.2. Arenavirus	13
2.2.2.2.3. Orthomyxovirus	14
2.2.2.2.4. Paramixovirus	15
2.2.3. Virus DNA	15
2.2.4. Tipos de virus DNA	16
2.2.4.1. Virus ADN de cadena simple	16
2.2.4.1.1. Microvirus	16
2.2.4.1.2. Parvovirus	17
2.2.4.1.3. Circovirus	18
2.2.4.2. Virus ADN de doble cadena	19
2.2.4.2.1. Poliomavirus	19

2.2.4.2.2. Adenovirus	20
2.2.4.2.3. Herpesvirus	21
2.2.4.2.4. Poxvirus	22
2.3. Astrovirus	23
2.3.1. Características	23
2.3.2. Genoma	23
2.3.3. Virus ARN de cadena simple polaridad positiva	24
2.3.4. Diversidad	25
2.3.5. Replicación	25
2.3.6 Diagnóstico molecular de Astrovirus en conejos	27
2.4. Primers	27
2.4.1 Definición	27
2.4.2 Características	27
2.4.3 Diseño de primers	29
2.4.4 Primers degenerados	29
2.4.5 Bioinformática	30
2.4.6 Técnica de PCR	31
2.4.7 Tipos de PCR	32
3. Planteamiento del problema	36
4. Justificación	37
5. Hipótesis	38
6. Objetivos	39
6.1 General	39
6.2 Específicos	
7. Material y método	40
7.1 Obtención de secuencias	40
7.2 Identificación de regiones consenso	40
8. Resultados	41
9. Discusión	50
10. Conclusiones	51
11. Sugerencias	52

12. Bibliografía	53
13. Anexos	63
13.1 Secuencias de Astrovirus reportadas mundialmente por especie	63
13.2 Pruebas de especificidad de Astrovirus en comparación con el genoma de conejo ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ), virus RNA cadena sencilla, bacterias y protozoarios en BLAST	100

## ÍNDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Organización genómica de Astrovirus y representación esquemática de los 3 ORF's destacando el principal contenido de cada uno de ellos y los residuos aminoacídicos más relevantes	24
Figura 2. Procesos cíclicos de la Reacción en Cadena de la polimerasa	32
Figura 3. Se muestran 180 nucleótidos del genoma de Astrovirus	41
Figura 4. Posición de los primers diseñados y su solapamiento	43

## ÍNDICE DE TABLAS

	Página
Tabla1. Número de acceso en Gen Bank de secuencias de genomas completos por especie de Astrovirus	40
Tabla 2. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con el genoma del conejo ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> )	44
Tabla 3. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con virus RNA cadena sencilla	45
Tabla 4. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con bacterias	47
Tabla 5. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con protozoarios	48

## DEDICATORIAS

A mis papas Rosalba y Fernando, por su amor infinito, por haberme enseñado a tener la fortaleza necesaria para lograr lo que me proponga, por la educación que forjaron en mi guiándome con todo el amor incondicional que día a día me siguen brindando, por la confianza depositada en mí, por cobijarme siempre en sus vidas y apoyarme en cada sueño y decisión en mi vida. Los amo.

Al amor de mi vida Moises que siempre ha creído en mí, por su amor sincero y por ayudarme y compartir cada sendero de esta mi elección de vida y cada loquera. Gracias flakito por todo. Te amo.

A mi Abuelita Carmen †, aunque no estés físicamente, en mi corazón siempre me has cuidado y dado fuerza, aunque han pasado muchos años te cumplí mi angelito con alas.

A mis hermanos Alberto y Cristopher porque son mi familia y los quiero, por sus enseñanzas compartidas.

A mi tía Geo y Olga porque siempre creyeron en que yo podía lograr este sueño.

Y a quienes se desvelaron cada noche de trabajo conmigo y me aman a pesar de todo: yuli, patricia, manchitas y para quienes no están pero me enseñaron tantas cosas: gordito hermoso, Leslie y mi sky preciosa.

## **AGRADECIMIENTOS**

A la Dra. Linda Guiliana Bautista Gómez por creer en mí, por su confianza, apoyo y conocimientos que me brinda, porque me prepara para la vida y porque me ha enseñado que lo que se quiere se puede y por el tiempo dedicado a esta tesis.

Gracias por todo Dra. Linda.

Al Dr. Camilo Romero Nuñez, por ser un pilar trascendental en mi formación y en mi vida, al enseñarme a ver más allá, al enseñarme a no conformarme y saber que siempre puedo dar más y ser mejor, por cambiar mi panorama e impulsarme académicamente para lograr cosas que no cualquiera podría y por sus críticas constructivas y tiempo dedicado a la elaboración de mi tesis.

Gracias por todo su apoyo incondicional Dr. Camilo.

A la Maestra Virginia García Rubio por compartir sus conocimientos para mejorar, su disponibilidad de tiempo y el trabajo en equipo que nos ha enseñado.

Gracias Mtra. Vicky.

Al Dr. Enrique Espinosa Ayala porque me enseñó tantas cosas en el aula y en campo, otros valores como el compañerismo y el trabajo, además de seguirlo haciendo ahora con la revisión de mi tesis.

Gracias Dr. Enrique.

A la Mtra. Zamira Tapia por su disponibilidad y por sus críticas constructivas, por apoyarme en la revisión de mi tesis.

Gracias Mtra. Zamira



## RESUMEN

La economía de la cunicultura se ve afectada por diversos agentes patógenos que ocasionan a los animales enfermedades y muerte. Sin embargo son escasos los estudios que existen sobre esta especie. De las patologías con más incidencia son aquellas donde los conejos presentan signología entérica como los son: diarrea, distensión abdominal e impactación cecal, ocupando Astrovirus el tercer lugar en las causas de gastroenteritis de origen vírico.

El diagnóstico molecular es una prueba que logra la identificación de Astrovirus, de manera específica ya que se basa en la extracción del material genético del virus sin que hibride en otro sitio o con cualquier otro agente patógeno.

Para lograr el diagnóstico exitoso por PCR, es necesario que el diseño de los primers o cebadores para amplificar las regiones diana sean sumamente específicos, considerándose lo más relevante de la técnica.

En el presente trabajo por medio de técnicas de Bioinformática se diseñaron siete pares de primers para la amplificación de la región ORF1a, ORF1b y ORF2 que comprenden el genoma completo de Astrovirus en conejos que mide 6678 nucleótidos, se comprobó su especificidad obteniendo un 100% al no hibridar con: 9,986 secuencias reportadas para el genoma de conejo, 1,295,078 secuencias para protozoarios, 439,488 secuencias para virus RNA cadena sencilla y 1,100,087 secuencias para bacterias, confrontando con un total de 2,844,639 de secuencias a nivel mundial.

## 1. INTRODUCCIÓN

Astrovirus son pequeños virus de tipo RNA que miden aproximadamente de 28 a 30 nanómetros de diámetro, infectan a conejos causando signología entérica y muerte por infecciones severas, lo cual genera una disminución de la producción y pérdidas económicas a los productores (Stenglein *et al.*, 2012).

Se han identificado en diferentes especies como lo son: humanos, bovinos, ovinos, porcinos, aves, mamíferos marinos, y murciélagos, su identificación se ha logrado a través de la amplificación de diferentes secciones del genoma mediante el uso de primers degenerados, a partir de secuencias genómicas reportadas para virus relacionados. En conejos no se han reportado primers que puedan utilizarse en el diagnóstico de Astrovirus, por lo que se requiere diseñar primers para poder identificar a estos virus en las unidades de producción cunícolas y poder establecer su importancia dentro de esta actividad pecuaria (Martella *et al.*, 2011).

Por lo expuesto con anterioridad en el presente trabajo se realizó el diseño de primers para la identificación de Astrovirus de conejos, a través de regiones conservadas de los genomas de Astrovirus reportados en otras especies, tomando en cuenta los tres marcos de lectura abiertos: ORF1a, 1b y 2. Los dos primeros marcos de lectura permiten codificar proteasas y ARN polimerasa dependiente, mientras que ORF 2 codifica proteínas de la cápside viral (Rivera *et al.*, 2009).

Con el desarrollo de primers para Astrovirus de conejos, se podrá identificar mediante la técnica de PCR, la presencia de este agente, a partir de la amplificación de fragmentos del genoma, obteniendo como resultado diagnósticos con un 99% de confiabilidad (Deepak *et al.*, 2007).

## **2. ANTECEDENTES**

### **2.1. VIRUS**

#### **2.1.1. DEFINICIÓN**

Un virus es definido como una entidad potencialmente patógena, que posee un solo tipo de ácido nucleico (Herrero, 2011), ya sea de tipo ADN o ARN asociados a proteínas, carecen de metabolismo y no pueden replicarse por sí mismos ya que necesitan la maquinaria de las células que infectan para su proliferación (Hunt, 2010).

Están agrupados en 60 familias de acuerdo a su estructura y organización genética (Pujol, 2006).

#### **2.1.2. CARACTERÍSTICAS**

Los virus tienen su origen en tres hipótesis: la primera es la hipótesis de escape o progresiva con la habilidad de los virus para entrar y salir de diferentes células, se conoce de esta forma porque existe salida de los componentes celulares mínimos necesarios para conformar un sistema autosuficiente y capaz de replicarse, la segunda es la de reducción o regresiva donde el virus deriva directamente de organismos, mediante una pérdida progresiva de funciones celulares y la tercera hipótesis menciona que los virus fueron primero que la célula; dado a esto surgieron diversas características que presentan los virus en la actualidad (Claverie, 2006).

Los virus son distinguidos por sus características biológicas: forma infectiva, signología que ocasionan y la forma en que se introducen a sus huéspedes (Gibbs, 2013), son más pequeños que las células procariontes o eucariontes, tienen estructura simple y estática, no tienen metabolismo propio, algunos infectan células procariontes denominados virus bacteriófagos y otros células eucariontes.

Respecto a su mecanismo infectivo algunos virus destruyen a las células y otros permanecen latentes en su interior, sus genomas codifican información mínima para asegurar la replicación de su genoma y empaquetamiento para la producción de proteínas virales y subvertir funciones celulares que permitan la producción de viriones (Carter *et al.*, 2005). Otros virus tienen genomas de ADN o ARN pero carecen de ribosomas y otros factores para la traducción de proteínas por lo tanto dependen de la célula hospedera para la producción de viriones (Zimmer, 2006).

### **2.1.3. ESTRUCTURA**

Están compuestos por un ácido nucleico ya sea de tipo DNA o RNA que es donde el virus contiene la información específica y el potencial operacional para modificar la maquinaria de la célula infectada y dirigir la producción específica de los componentes de las nuevas partículas virales (Zimmer, 2006).

Algunos virus contienen una membrana externa llamada envoltura, esta membrana por lo regular es parte de la membrana plasmática, aunque también puede ser parte del aparato de Golgi, retículo endoplasmático o de la membrana celular dependiendo del virus (Carter *et al.*, 2005).

La cápside es la encargada de proteger el genoma viral durante su transferencia de célula a célula y puede estar hecha de múltiples copias desde una sola proteína o en asociación de varias proteínas diferentes; puede tener varias formas geométricas: icosaédrica que existe de 2 tipos: desnudo como Picornavirus o envuelto como Herpesvirus, helicoidal desnudo o envuelto como virus rábico y complejos que tienen una mezcla de arreglos como el tener colas proteicas que requieren para su anclaje (Zimmer, 2006).

La nucleocápside es un ácido nucleico más la cápside, se encuentra compuesta por proteínas estructurales que son las encargadas del empaquetamiento del ácido nucleico del genoma viral y las proteínas no estructurales que son enzimas asociadas al proceso de transcripción del genoma, por ejemplo la transcriptasa reversa de los retrovirus realiza copias de ADN a partir de un molde de ARN,

replicación y proceso de proteínas, así como lípidos que en los virus se derivan de las membranas celulares de la célula hospedera, estos son en su mayoría fosfolípidos en un 50 y 60% , colesterol y carbohidratos que están presentes como los residuos de oligosacáridos de las glicoproteínas, glicolípidos y mucopolisacáridos. La composición de los carbohidratos corresponde a aquella de la célula hospedera, los carbohidratos virales se encuentran principalmente en la envoltura. Algunos de los virus más grandes y complejos contienen glicoproteínas internas o proteínas glicosiladas en la cápside (Carter *et al.*, 2005).

#### **2.1.4. REPLICACIÓN Y MODO DE INFECCIÓN**

La interacción entre los virus y sus células hospederas está íntimamente ligada al ciclo de replicación viral. La interacción del virus con los componentes y las estructuras celulares durante el proceso de replicación influye en como el virus causa la enfermedad. La mayoría de las infecciones no causan patología celular o alteración morfológica aparente, sin embargo la replicación puede causar citopatología como: redondeamiento celular, desprendimiento, transformación maligna o lisis celular (Hunt, 2010).

La persistencia viral requiere de dos estrategias fundamentales: la primera es única de la replicación viral al no eliminar a su hospedero, el patógeno causa poco o ningún daño a la célula y la segunda el virus necesita una respuesta inmune débil de parte del individuo. Por otro lado los virus pueden alterar o interferir con el procesamiento de péptidos virales ante las células presentadoras de antígenos, evitando así la expresión del complejo mayor de histocompatibilidad, que es necesario para la activación de células T (Oldstone, 2009).

Muerte celular: a lo largo del proceso de coevolución patógeno-hospedero los virus han desarrollado una serie de estrategias diferentes para superar las defensas bioquímicas e inmunológicas del huésped, por lo tanto los virus han adquirido la capacidad de evitar la apoptosis de la célula huésped, controlar las respuestas inflamatorias y evadir reacciones inmunes. La eliminación de las células infectadas a través de la muerte celular programada es uno de los

mecanismos de defensa más ancestrales contra la infección, la desactivación de la apoptosis de la célula huésped podría representar un paso casi obligado en el ciclo viral. Por el contrario, los virus pueden tomar ventaja de estimular la apoptosis, ya sea para eliminar las células no infectadas del sistema inmunológico o para inducir la ruptura de las células infectadas, lo que favorece la difusión viral. Varios polipéptidos virales son homólogos de las proteínas reguladoras de la apoptosis derivados del huésped, tales como miembros de la familia Bcl-2 (Galluzi *et al.*, 2008).

La muerte celular durante la replicación viral puede ser causada por diversos factores. El factor más probable es la inhibición de la síntesis celular basal de biomoléculas tales como proteínas. Durante el ciclo de replicación, el virus induce a la maquinaria celular a fabricar principalmente productos virales, más que aquellos que la célula fabricaría normalmente. Como resultado de esto, la célula sintetiza predominantemente productos virales y los productos celulares necesarios para la supervivencia de la célula, que no están presentes o lo están pero en cantidades demasiado bajas como para mantener su viabilidad. Además de la carencia de productos celulares esenciales, este evento resulta en la acumulación excesiva de productos virales (ARN, ADN, proteínas), que pueden ser tóxicos para las células. En la fase de liberación del ciclo de replicación de algunos virus se estimula la apoptosis de la célula hospedera. En otras circunstancias la inhibición de la síntesis de macromoléculas celulares causa daños a las membranas de los lisosomas y por consecuencia la liberación de enzimas hidrolíticas, provocando la muerte celular (Carter *et al.*, 2005).

La apoptosis puede ser desencadenada por dos cascadas de señalización: la vía extrínseca e intrínseca o mitocondrial. La vía extrínseca se inicia mediante la oligomerización inducida por el ligando de los receptores específicos de la superficie celular, tales como Fas/CD95 y el receptor del factor de necrosis tumoral (TNFR), induce el ensamblaje intracelular para activar la muerte del complejo de señalización (DISC). En cambio la vía intrínseca se controla por las mitocondrias, que toman e integran señales pro y antiapoptóticas entrantes de

otros organelos, así como desde el microambiente extracelular. Los estímulos pro-apoptóticos son recibidos del: ADN, retículo endoplasmático, stress lisosomal, la sobrecarga de oxígeno y calcio, son capaces de activar la vía intrínseca de apoptosis al favorecer la permeabilización de la membrana mitocondrial. En algunas células, la apoptosis mitocondrial puede sobrevenir la activación de receptores de muerte, debido a la actividad de promotores de la membrana permeable de la mitocondria (MMP) como de BH3 que es una proteína que promueve la actividad proteolítica de la caspasa 8 (Galluzi *et al.*, 2008).

Los efectos citopáticos son todos aquellos cambios morfológicos en las células provocados por la infección viral. Las células infectadas algunas veces tienen alterada su membrana celular. La membrana de la célula infectada es capaz de fusionarse con su célula vecina, esta alteración es el resultado de la inserción, durante el ciclo de replicación, de proteínas virales. El resultado de la fusión es la generación de una célula multinucleada o sincitios. La membrana celular alterada también lo está en lo que se refiere a su permeabilidad, permitiendo la entrada de varios iones, toxinas, antibióticos. Estas células multinucleadas son grandes, por lo que algunas veces son llamadas células multinucleadas gigantes (Orraca *et al.*, 2011).

El proceso de transformación maligna durante la infección viral, da como resultado células hospederas que se caracterizan por tener alteraciones en su morfología, control de crecimiento, propiedades celulares y bioquímicas. La transformación maligna y la neoplasia resultante puede ocurrir cuando el genoma viral se incorpora en el genoma del hospedero o cuando los productos virales son por sí mismo oncogénicos. Los virus que causan transformación maligna se conocen como virus tumorales (Carter *et al.*, 2005).

## **2.2. CLASIFICACIÓN**

El genoma viral está compuesto por ácido desoxirribonucleico (ADN) o ácido ribonucleico (ARN), nunca de ambos simultáneamente. El ADN puede ser de una sola cadena, por sus siglas en inglés (SS), doble cadena (DS) o parcialmente de doble cadena como Hepadnavirus. El genoma de ADN puede tener sus extremos covalentemente ligados el uno al otro el cual se le llama circular o pueden no estar unidos en sus extremos al cual se le denomina lineal. Todos los genomas virales de ARN son lineales, la mayoría de estos son de cadena sencilla y otros pocos de cadena doble. (Carter *et al.*, 2005).

Los virus con genomas de ARN de polaridad negativa de cadena simple pueden ser segmentados o no segmentados, siendo su principal característica el empaquetamiento de la replicasa transcriptasa específica del virus en las nucleocápsides víricas, mientras que en los virus ARN de polaridad positiva de simple cadena con intermediario ADN al cual pertenecen los Retrovirus su genoma construye un molde para la transcripción inversa de ADN; estos son los únicos virus con ARN de polaridad positiva cuyo genoma no funciona como ARN mensajero tras penetrar la célula hospedera (Cann, 2005).

### **2.2.1 VIRUS ARN**

Hoy en día la mayoría de los virus que infectan a animales y plantas son virus de genoma ARN, existen diversos tipos: de cadena doble, sencilla ya sea de polaridad positiva o negativa. Los virus de ARN tienen genomas pequeños que rara vez exceden los 30 Kb de tamaño y gran parte se utiliza para codificar las proteínas implicadas en la replicación del ARN viral. La síntesis del ARN viral es catalizada por ARN polimerasa que es dependiente del ARN codificado por el virus (Tao *et al.*, 2010).



Su genoma codifica proteínas virales, secuencias y estructuras reguladoras. En algunos virus, las regiones distantes del genoma de ARN pueden interactuar entre sí a través de pares de bases, lo que sugiere que algunos genomas puedan adoptar configuraciones bien definidas (Wu *et al.*, 2013).

## **2.2.2 TIPOS DE VIRUS ARN**

### **2.2.2.1 VIRUS ARN DE POLARIDAD POSITIVA**

Los virus ARN de polaridad positiva son un grupo muy exitoso de organismos patógenos que infectan a partir de algas unicelulares, a pesar de la adaptación a diversos huéspedes los procesos básicos de expresión y replicación del genoma son altamente conservados entre estos virus; una de las características que comparten es la asociación de la maquinaria de replicación del ARN con la membranas celulares. Se ha propuesto que el montaje de complejos de replicación en las membranas puede facilitar la infección de diversas maneras: una de ellas es aumentando la concentración de proteínas virales las cuales proporcionan andamiaje estructural para el montaje de proteínas de replicación y ocultando intermediarios de la replicación viral ARN de doble cadena, a partir de los mecanismos de inmunidad innata celular (Nchoutmboube *et al.*, 2013).

Todos los virus ARN de cadena positiva replican sus genomas en asociación con reordenamientos de membranas tales como vesículas intracelulares de acción simple o de doble membrana. Sin embargo, los sitios exactos de la síntesis de ARN y las relaciones entre membranas no están bien definidas (Kopek *et al.*, 2007).

Para algunos virus ARN de polaridad positiva, la replicación requiere de enzimas virales como helicasa, RNA polimerasa y proteínas no enzimáticas que participan en el ensamblaje del complejo de replicación viral. Proteínas de la célula huésped a menudo desempeñan un papel esencial en la replicación de estos virus (Tao *et al.*, 2010).

### 2.2.2.1.1 PICORNAVIRUS

Picornavirus pertenece a la familia Picornaviridae, se caracteriza por tener cápside desnuda que rodea al núcleo, consta de una cadena sencilla, es de sentido positivo, su genoma es de RNA y codifican una única poliproteína. El Comité Internacional de Taxonomía para virus, aprobó la división de este virus en 17 géneros: Aftovirus, Aquamavirus, Avihepathovirus, Cardiovirus, Cosavirus, Dicipivirus, Enterovirus, Erbovirus, Hepatovirus, Kobuvirus, Megrivirus, Parechovirus, Salivirus, Sapelovirus, Senecavirus, Teschovirus y Tremovirus. El genoma de los Picornavirus codifica un polipéptido VPg unido covalentemente al extremo 5' final del ARN viral. Una región 5' no traducida (UTR) precede a un largo marco de lectura abierto que codifica una poliproteína, mientras que una región 3' no traducida sigue el marco de lectura abierto. El genoma termina con una cola poli-A (Yu *et al.*, 2013).

Kobuvirus es un género de la familia Picornavirus, se conocen 3 tipos: Aichivirus, Kobovirus bovino y Kobovirus porcino, los 3 han sido descubiertos en muestras de heces y comparten la misma organización genómica; el tamaño de su genoma va desde 8210 a 8374 nt, además de tener una proteína VP0 en la cápside y tres estructuras en forma de tallo que son necesarias para su replicación y encapsidación (Greninger *et al.*, 2009).

Enterovirus tiene un sentido positivo lineal es de ARN de cadena simple, su genoma tiene aproximadamente 7,400 nucleótidos con un marco de lectura abierto que codifica 4 proteínas en la cápside (VP1-4). VP4 está localizado en la cápside viral y se encuentra conectado directamente con el genoma, las otras tres proteínas (VP1-3) que se exponen fuera de la cápside y en consecuencia, epítopos reactivos pueden residir en estas proteínas (Gao *et al.*, 2012).

### **2.2.2.1.2 FLAVIVIRUS**

Los Flavivirus son de forma esférica de 40-60 nanómetros constituido por una cápside icosaédrica, rodeado de una membrana lipoproteíca proveniente de la membrana celular, posee un solo marco abierto de lectura y en cada uno de sus extremos presenta regiones sin traducir (Vargas *et al.*, 2009), es de ARN de cadena positiva y produce en su subgenoma ARN no codificante que es derivado de la región no codificante 3 prima (gARN). El subgenoma de Flavivirus (sfRNA) es producto de una degradación incompleta de gRNA y está involucrado en la replicación viral, citotoxicidad y la patogenicidad viral que juega un rol en la modulación de respuestas antivirales en los hospederos, mediadas por vías ARN (Morais *et al.*, 2013). Su genoma viral codifica una gran poliproteína compuesta de tres proteínas estructurales, una en la cápside, otra en la envoltura y en membrana y siete proteínas no estructurales NS1, NS2A, NS2B, NS3, NS4A, NS4B y NS5 (Patel *et al.*, 2013).

El género Flavivirus pertenece a la familia Flaviviridae, consiste en más de 70 especies de virus , contiene agentes patógenos altamente infectantes como: virus de la fiebre amarilla, virus del Nilo occidental, virus de le encefalitis japonesa, virus de la encefalitis transmitida por garrapatas y virus de dengue. El análisis filogenético clasifica en 3 grupos epidemiológicos: mosquitos, garrapatas y vectores desconocidos (Patel *et al.*, 2013). Aquellos virus que son específicos para insectos conocidos no infectan a los vertebrados, este grupo final incluye agentes de fusión celular (CFAV) en Virus de río Kamiti y Culex flavivirus, un virus específico de insecto que se replica en la línea celular C6/36 pero no en otras líneas celulares de mamíferos (Huanyu *et al.*, 2012).

### **2.2.2.1.3 CORONAVIRUS**

Los Coronavirus pertenecen a la familia Coronaviridae, son virus de ARN de cadena positiva, el grupo de coronavirus se estableció inicialmente en las bases por falta de relación antigénica y la secuencia de nucleótidos que tiene siendo así como surgieron (Montassier, 2010), infectan a los vertebrados y se asocian

principalmente con enfermedades respiratorias y entéricas, han sido reconocidos como patógenos importantes en el ganado y animales de compañía, en humanos son la causa más común de infecciones en vías respiratorias (Sawicki *et al.*, 2005).

Los Coronavirus se clasifican en tres géneros: alfa, beta y épsilon. La replicación de Coronavirus se produce en el citoplasma, lo que lleva a las especies de doble cadena de RNA a desencadenar la respuesta antiviral en el hospedero. Para superar estas defensas los coronavirus han desarrollado diversas estrategias; un mecanismo en general que tienen es la inducción de estructuras en células infectadas que pueden ocultar a los ARN virales de los sensores celulares, algunos otros bajan la regulación de la expresión genética en el hospedero. Se ha propuesto que el género beta no estructura proteínas, solo tiene una que es promotora de la degradación del ARN mensajero con el fin de suprimir la respuesta inmune innata del hospedero. El síndrome respiratorio agudo severo (NSP1) también ha estado involucrado en la inhibición de la actividad de transducción de la subunidad 40 S ribosomal. Por otra parte varios coronavirus pueden impedir la transducción de cierre debido a la respuesta antiviral, usando componentes virales para modular los factores celulares (Cruz *et al.*, 2011).

El genoma RNA codifica proteínas estructurales de los virus, no estructurando proteínas en síntesis envueltas en ARN viral, las proteínas no son esenciales para su replicación en cultivo celular pero confiere una ventaja selectiva in vivo, estas son denominadas proteínas accesorias. En la MHV-A59 de las células infectadas la expresión génica de replicación proteica es mediada por la traducción del genoma ARN y la expresión génica de la proteína estructural, así mismo por la traducción de RNA mensajeros subgenómicos coterminales en tres prima. Los ARN mensajeros subgenómicos se producen por un mecanismo único que implica la transcripción discontinua durante la síntesis de cadena negativa de ARN (Sawicki *et al.*, 2005).

## **2.2.2.2 VIRUS ARN DE POLARIDAD NEGATIVA**

Los virus ARN de polaridad negativa tienen el genoma cubierto de una proteína de forma helicoidal conocida como: Complejo Ribonucleoproteico (RNP) que funciona como una plantilla única para la replicación viral y la transcripción. El ARN viral recién sintetizado y la replicación intermedia se empaquetan como RNA polimerasa y se estabilizan en forma de cadena simple inmediatamente después de su síntesis (Tao *et al.*, 2010).

### **2.2.2.2.1 BUNYAVIRUS**

La familia Bunyaviridae posee una morfología esférica u oval, con una envoltura lipídica y una cápside helicoidal con un tamaño promedio de 90-100 nanómetros. Contiene un genoma de ARN monocatenario trisegmentado de sentido negativo, que codifica una ARN polimerasa dependiente de ARN, una proteína de la nucleocápside y dos glicoproteínas en la envoltura (G1 y G2) (Mattar *et al.*, 2007).

Los Bunyavirus se encuentran divididos en 5 géneros, el género Orthobunyavirus incluye aproximadamente 60 virus, que generan patologías en los seres humanos. La vigilancia virológica depende en detectar a los virus en poblaciones de artrópodos en la naturaleza (Yadav *et al.*, 2008).

Los Hantavirus son miembros de la familia Bunyaviridae, son de cadena sencilla trisegmentados, cada uno de los segmentos de su genoma se denominan: grandes, medianos y pequeños, codifican proteínas de la nucleocápside, glicoproteínas y proteína L (que es una ARN polimerasa). Hantavirus no tiene matriz de proteínas, pero la proteína N se ha propuesto para desempeñar un papel clave en el ensamblaje del virus. La proteína N es expresada en el citoplasma viral de las glicoproteínas y se traduce en el retículo endoplasmático, una vez separados Gn y Gc se someten a glicosilación, plegado y heterodimerización en el complejo de Golgi, donde se conservan y se acumulan, para que el montaje se produzca la proteína N, así como Gn y Gc deben moverse a la misma ubicación intracelular (Li *et al.*, 2010).

#### **2.2.2.2 ARENAVIRUS**

Los Arenavirus son virus envueltos de cadena sencilla de ARN con un genoma bisegmentado negativo, cada segmento de ARN es denominado: grande y corto, contiene dos marcos de lectura abiertos en orientaciones opuestas entre sí y utiliza una codificación estratégica directa para dirigir la síntesis de dos polipéptidos. Entre los dos marcos de lectura abiertos de cada segmento existe una región intergénica no codificante (IGR), compuesta de una secuencia programada para formar una horquilla estable (Rodas & Salvato *et al.*, 2006).

Los dos genomas de ARN están encapsulados por la NP, que es la proteína más abundante en los viriones y células infectadas actuando como base para dos procesos fundamentales diferentes: la replicación de ARN y la transcripción. Durante la replicación del ARN la proteína L se une al extremo tres prima y los lee de extremo a extremo para dirigir la síntesis de encapsidación de antígenomas. Durante la transcripción la RdRp detiene la síntesis de ARN y lo pausa en un sitio cerca de la región intergénica no codificante, las moléculas de ARN mensajero recién sintetizados tienen una poliadenilación en el extremo tres prima con una secuencia heterogénea mapeado dentro de la horquilla prevista de IGR, además la secuencia no dirigida se ha identificado en el extremo 5' prima del ARN mensajero subgenómico. Estas secuencias son de longitud variable y terminan con una estructura 5', lo que sugiere la presencia de un mecanismo de cap snatching de Arenavirus. La proteína L es un elemento esencial en la replicación del genoma y la transcripción, es la proteína viral más grande compuesta de aproximadamente 2200 aminoácidos, además analiza la secuencia utilizando proteínas homologas (Morin *et al.*, 2010).

### **2.2.2.2.3 ORTHOMYXOVIRUS**

Los Orthomyxovirus pertenecen a la familia de virus ARN que incluyen varios tipos de virus de influenza, su genoma consiste en múltiples segmentos en sentido negativo y solo tiene una cadena de ARN, es empaquetado en forma de barra y a su vez va realizando complejos de ribonucleoproteínas (RNP) de doble hélice, los RNP interactúan para garantizar el ensamblaje específico del genoma; lo primero que hace es mostrar a la nucleoproteína para formar la proteína que será como la columna vertebral de los complejos de ribonucleoproteínas, la cual va a tener una estructura bilobulada (Zheng *et al.*, 2013).

Un integrante de la familia Orthomixoviridae es Isavirus, mide de 90-140 nanómetros y contiene un genoma de 8 segmentos de cadena sencilla de ARN de polaridad negativa, al igual que otros Orthomyxovirus como el virus de la influenza A contiene dos marcos de lectura abierto limitados por los extremos 5' y 3' en regiones no codificantes, en virus de influenza los primeros doce nucleótidos están en 3' y termina con doce nucleótidos en 5' en la región no codificante; en el ARN viral cada uno de los segmentos quedan conservados (Kulshreshtha *et al.*, 2010).

De los miembros de la familia Orthomyxoviridae es conocida su fase de replicación nuclear. En virus de la influenza A la enucleación de las células no permite su replicación, por inferencia de los eritrocitos maduros en los mamíferos. En caso de las aves (pavos y pollos) la hemoaglutinación de los eritrocitos permite al virus de influenza aviar tipo A llevar a cabo la síntesis de la proteína viral y causar una nueva infección viral (Workhene *et al.*, 2008).

#### **2.2.2.2.4 PARAMIXOVIRUS**

Los miembros de la familia Paramyxoviridae son virus con envoltura no segmentados de polaridad negativa de 15 a 16 kb. Típicamente 6 genes se organizan en un orden lineal (3'-NP-P/C/V-M-F-HN-L-5') separados por secuencias repetidas; una señal de poliadenilación al final de cada gen, una secuencia intergénica (GAA) y una señal de inicio de la traducción al principio del gen siguiente (Cann, 2005).

Están compuestos por varias subfamilias entre ellas la familia Pneumovirinae y Paramyxovirinae. Todos los Paramixovirus entran a la célula y se difunden entre ellas, promoviendo la fusión directa de las membranas, mediándola por la proteína de fusión viral, forma homo-trímeros que requerirán de activación proteolítica para obtener funcionalidad metaestable, posteriormente se da la primera inserción de un dominio hidrofóbico al péptido de fusión en la membrana diana y se forma otro poro de fusión a través de yuxtaposición del dominio transmembrana C y el péptido; en la conformación posterior se volverá termodinámicamente estable (Plempner *et al.*, 2011).

#### **2.2.3. VIRUS DNA**

Los virus de ADN establecen sus propios sitios de transcripción y elige los compartimentos de replicación dentro del núcleo; durante la infección lítica los virus de ADN que se replican en el núcleo de las células establecen un entorno que favorece la replicación viral, mientras evade las defensas celulares, por consiguiente estos virus comprometen factores celulares que son necesarios para una eficiente transcripción viral y replicación (Everet, 2013).



## **2.2.4. TIPOS DE VIRUS DNA**

### **2.2.4.1. VIRUS ADN DE CADENA SIMPLE**

Son virus dependientes de asistencia externa para lograr su expresión génica y replicación del genoma. Esto debido al tamaño tan pequeño de su genoma que no le permite codificar un aparato bioquímico necesario, desarrollando una forma extrema de parasitismo, utilizando las funciones normales presentes en el núcleo de las células hospederas, tanto para la expresión como para la replicación y (Cann, 2005).

#### **2.2.4.1.1. MICROVIRUS**

Los Microvirus son virus pequeños de forma icosaédrica, de una sola cadena de ADN en su genoma. Su sub-clasificación se basa en estructuras y diferencias genómicas dando como resultado dos subgrupos: Microvirus (género Microvirus) y Gokushovirus (subfamilia Gokushovirinae), actualmente se descubrió otra subfamilia aun no aprobada Alpavirinae y otro nuevo grupo llamado Pichovirinae siendo descubierto en el análisis de su estructura de la cápside revelado por la presencia de inserciones en forma de hongo conservadas, que se encuentran en todos los grupos menos en los Microvirus, además se observó un gen peptidasa y transferencia horizontal de genes. Los siete miembros del género Microvirus infectan exclusivamente enterobacterias (Roux *et al.*, 2012).

Su modo de replicación es a través de un mecanismo de círculo rodante y codifican proteínas de iniciación, todos los miembros de la familia Microviridae son líticos e incapaces de lisogenizar a su huésped, están compuestos por cuatro principales proteínas estructurales: proteína F de la cápside, proteína G, proteína J de unión al ADN y H que es la proteína piloto del ADN, en el caso de Gokushovirus requiere de dos proteínas más: B interna y D externa, esto hace que el genoma de Gokushovirus sea más pequeño que el de los Microvirus. Estudios recientes basados en metagenómica sugieren que los miembros de la familia

Microviridae desempeñan un papel importante en ambientes marinos (Krupovic *et al.*, 2011).

#### **2.2.4.1.2. PARVOVIRUS**

Los Parvovirus son virus pequeños de ADN, no encapsulados que se utilizan con éxito en la terapia génica, para su replicación requieren pasar por la envoltura nuclear; su interacción con el núcleo de la célula hospedera es compleja ya que a pesar de su pequeño tamaño no logra atravesar los poros nucleares y por eso es necesario que se una a las proteínas del complejo nuclear, cuando esto pasa se activa una cascada de señales que resulta en la desintegración de la envoltura nuclear (Porwal *et al.*, 2013), inducen efectos citopáticos graves a la célula huésped, que se manifiesta en la reestructuración y degradación de los filamentos del citoesqueleto, logrando así la propagación del virus (Bar *et al.*, 2008).

Los Parvovirus tienen dos marcos de lectura abiertos presentes en su genoma, el marco 1 (ORF1) que codifica proteínas no estructurales y el marco 2 (ORF2) que codifica proteínas de la cápside viral. Algunos genomas de parvovirus pueden tener un marco adicional que codifique para otras proteínas, tales como NP1 que es una proteína no estructural presente en parvovirus humano. El Comité Internacional de Taxonomía viral clasifica a la familia Parvoviridae en dos subfamilias de acuerdo a los hospederos que infecta: Parvovirinae que infecta a los vertebrados y Densovirinae que infecta a insectos y artrópodos; la subfamilia Parvovirinae se divide en cinco: Amdovirus, Bocavirus, Dependovirus, Eritrovirus y Parvovirus (Narvaiza *et al.*, 2009).

Bocavirus es un integrante de la Parvovirinae caracterizado por tener un marco abierto para la proteína NP1, infecta a múltiples mamíferos incluyendo humanos, vacas, cerdos, gorilas, chimpancés, gatos, perros y murciélagos, causando signología respiratoria y gastrointestinal en animales jóvenes y se encontrara de manera subclínica en animales adultos (Li *et al.*, 2013).

### **2.2.4.1.3. CIRCOVIRUS**

Son virus no envueltos de forma icosaédrica, los rangos reportados en virus de anemia en pollos (CAV), Circovirus porcino I (PCV1) y enfermedad viral de pico y pluma (BFDV) es de 19.1-26.5 Nm, 17-20.7 Nm y 12-20.7 nanómetros respectivamente; contienen una molécula circular de ADN de cadena sencilla; su replicación la realiza con la molécula circular de ADN, ellos utilizan el ADN polimerasa durante la fase S de la división celular del hospedero para infectar (King *et al.*, 2011).

La familia de Circovirus se divide en dos géneros: Gyovirus que representa al virus de la anemia del pollo, de importancia económica y el género Circovirus representado por el virus de la enfermedad de las plumas y pico, Circovirus de tipo 1 y 2, que causan el síndrome multisistémico post-destete, Circovirus de paloma detectado por primera vez en 1993, Circovirus canario, de pato y ganso. Este último fue descrito por primera vez en 1998 en un lugar donde comercializaban gansos, el hallazgo fue su alta mortalidad; se demostró que es resultado de una infección secundaria a virus como: Poliomasvirus hemorrágico del ganso, parvovirus, bacterias y hongos del genero *Riemerella* y *Aspergillus fumigatus*, con la característica de ser asintomático. Los gansos afectados pueden tener retraso en el crecimiento; los cambios histopatológicos más comunes son disminución de linfocitos T e histiocitos en órganos linfoides, incluyendo el timo, bazo y bolsa de fabricio (Wozniakowski *et al.*, 2012).

En el caso de Circovirus porcino tipo 2 realiza su replicación en el núcleo de las células infectadas, su número de proteínas es limitado, por lo tanto no están bien equipados para modificar las condiciones intracelulares a favor de sus propias necesidades de replicación, aunque se puede ver beneficiado de las condiciones específicas del huésped cuando no han sido inducido por otros agentes infecciosos (Gu *et al.*, 2012).

#### **2.2.4.2. VIRUS DE ADN DE DOBLE CADENA**

Esta clase de genes víricos se subdivide en dos grupos; el primero son aquellos en la que la replicación del genoma es exclusivamente nuclear (Adenovirus, Polyomavirus, Herpesvirus) y los que su replicación se produce en el citoplasma (Poxviridae). Existen profundas diferencias entre ellos dependiendo la maquina celular de cada familia (Cann, 2005).

##### **2.2.4.2.1. POLIOMAVIRUS**

Expresan en su genoma características de la familia Polyomaviridae, aunque presentan alta variabilidad con respecto a otros miembros de la familia. Tiene doble cadena circular de ADN (Buck *et al.*, 2012) y se han secuenciado 5,299 pares de bases en su genoma (Gaynor *et al.*, 2007).

Infectan a gran variedad de mamíferos y aves, incluyendo los descritos recientemente como: murciélagos, lobos marinos, ratones de diversos géneros, canarios, mono ardilla chimpancé y gorila (Siebrasse *et al.*, 2012).

Las partículas de Polyomavirus miden aproximadamente de 40 a 45 nanómetros de diámetro presenta cápside icosaédrica compuesta por 72 capsómeros y encapsula una molécula circular con ADN de doble cadena. En las partículas maduras, el ADN viral se asocia con la célula huésped en las histonas H2A, H2B, H3 en un súper coloide compuesto de cromatina (Johne *et a.*, 2011).

Su genoma se encuentra dividido en tres partes: región regulatoria, región temprana y región tardía. En la región regulatoria también llamada región de Control no Codificante (NCRR), contiene el origen de replicación y promotores para la región temprana y tardía, en esta región se lleva a cabo la transcripción en forma bidireccional. La región temprana es expresada en conjunto con la transcripción primaria y se empalman para producir un antígeno T largo (LTag) y un antígeno T pequeño (STAg), comparten entre 1 y 80 aminoácidos. La región tardía se expresa antes de la replicación viral; ya comenzada codifica proteínas estructurales VP1, VP2 y VP3; VP1 es la mayor proteína estructurada, la cual

comprenderá el 70% de la partícula viral y es la porción antigénica del virus (Siebrasse *et al.*, 2012).

#### **2.2.4.2.2. ADENOVIRUS**

Pertencen a la familia Adenoviridae, presenta doble cadena de ADN y no tienen envoltura, infecta a un amplio rango de hospederos vertebrados, existen más de 50 serotipos del género Mastadenovirus divididos en 6 subgrupos del grupo A al F (Yu *et al.*, 2012).

El género Mastadenovirus incluye los subtipos para humano, simio, bovino, equino, porcino y perro, además de existir un segundo subtipo denominado Aviadenoviridae. Cuenta con una cápside externa y un núcleo proteico central que cubre el DNA lineal y varias proteínas accesorias, es de forma icosaédrica y está constituida por 252 subunidades o capsómeros de los cuales 240 son exones distribuidos en forma plana en las 20 caras; 20 son pentones que constituyen los vértices. El pentón está unido por una base, la unión forma parte de la superficie y proyecta una fibra llamada fracción globular. En su genoma cuenta con 11 tipos de proteínas estructurales y se clasifican en números romanos del I al XI, siete de estos polipéptidos constituyen la cápside siendo el número II el más abundante con 967 aminoácidos siendo el constituyente más abundante en el virión. El genoma de los adenovirus cuenta con 35,937 pares de bases (Martinez *et al.*, 2006).

Los Adenovirus tradicionalmente habían sido clasificados de acuerdo a sus propiedades inmunoquímicas y biológicas, sin embargo hoy en día son clasificados de acuerdo a la base de sus relaciones evolutivas como se infiere en los análisis filogenéticos de las secuencias de ADN de la proteína viral en sus genes, de esta manera se evita la clasificación errónea debido a la reacción cruzada en la neutralización y pruebas de aglutinación (Maluquer *et al.*, 2011).

Los vectores adenovirales presentan una fuerte inmunogenicidad y capacidad para traducir células presentadoras de antígenos y provocar elevación de linfocitos T y B para llegar a células blanco (Guan *et al.*, 2011).

La infección por Adenovirus desencadena una respuesta antiviral específica de la célula después de la exposición del ADN viral en el compartimiento intracelular (Lam *et al.*, 2013).

#### **2.2.4.2.3. HERPESVIRUS**

Los Herpesvirus son virus de mamíferos sumamente exitosos. Sin embargo la infección no se hace manifiesta hasta que se encuentra bien establecida (Milho *et al.*, 2012); son envueltos tienen un diámetro de 150-200 nanómetros, ADN de doble cadena lineal y una cápside con isometría icosaédrica de alrededor de 100 nanómetros de diámetro compuesta por 162 capsómeros (150 hexámeros y 12 pentámeros). La cápside está rodeada por una capa de material globular, conocido como tegumento y alrededor de él una envoltura que contiene espículas de glicoproteínas virales en su superficie (Avila *et al.*, 2008).

Las células infectadas por Herpesvirus de forma latente forman un reservorio de la infección crónica que se encuentra controlada por el sistema inmune; sin embargo la infección latente puede dar lugar a la manifestación de la enfermedad si se pierde el control inmunológico; esto es característico para miembros de la familia Gammaherpesvirinae que se asocian por lo general a neoplasias e individuos inmunodeprimidos (Gunther *et al.*, 2010).

Los Herpesvirus pertenecen a la familia Herpesviridae y la familia está compuesta por 3 subfamilias: Alphaherpesvirinae, Betaherpesvirinae y Gammaherpesvirinae (Obando *et al.*, 2010).

Los Alphaherpesvirus presentan un rango amplio de hospederos y alta capacidad para establecer infecciones latentes. El ciclo reproductivo es relativamente corto y crecen fácilmente en cultivos celulares (Avila *et al.*, 2008).

Los Gammaherpesvirus resultan en una infección lítica productiva caracterizada por la expresión de los genes virales y rápida lisis celular o una infección latente caracterizada por el gen viral limitante y sin lisis celular (Suarez *et al.*, 2008).

El Herpesvirus neuroinvasivo pertenece a un grupo de virus patógenos y cada uno de ellos infecta a diferentes especies mamíferas. Cuatro de los virus de este grupo infectan humanos: Herpes simplex tipo 1 (HSV-1), herpes simplex virus tipo 2 (HSV-2), Virus de varicela (VZV) y herpesvirus tipo B de simio. Este último se encuentra asociado a infecciones zoonóticas (Lee *et al.*, 2009).

#### **2.2.4.2.4. POXVIRUS**

Son de cadena doble de DNA, tiene un ciclo de vida sofisticado que se caracteriza por una serie de pasos regulados temporalmente y aunque Poxvirus codifica un gran número de genes (más de 200), sigue siendo un agente patógeno intracelular obligado y requiere de múltiples actividades de la célula huésped (Moser *et al.*, 2010).

Los Poxvirus pertenecen a la familia Poxviridae, esta familia viral contiene uno de los más grandes virus conocidos ya que requiere más de 80 proteínas para su montaje en varias etapas; producen partículas infecciosas que son sintetizadas en la membrana interna lipídica y pasan por gemación a través de los compartimentos celulares, en cambio las partículas inmaduras de poxvirus se generan de manera atípica con precursores en forma creciente, aunque su composición aun sigue siendo controversial (Hyun *et al.*, 2011), expresan diversas proteínas inmunomoduladoras que codifica en las regiones terminales del genoma, ellos pueden sintetizar esteroides causando inmunosupresión o pueden bloquear la producción o acción de citocinas, quimiocinas, interferón y sistema de complemento (Mansur *et al.*, 2013).

Pueden infectar a una gran variedad de organismo como: insectos, reptiles, aves y mamíferos. La familia de los Poxvirus se subdivide en géneros basados en características que comparten en común, por ejemplo: los huéspedes que

infectan, morfología, antigenicidad y similitud de secuencia, son cuatro géneros de Poxvirus que se conocen: Molluscipoxvirus, Ortopoxvirus, Parapoxvirus y Yatapoxvirus (Krumm *et al.*, 2012).

## **2.3 ASTROVIRUS**

Los Astrovirus forman una familia pequeña de virus ARN que miden aproximadamente de 28 a 30 nm, infectan a una gran variedad de mamíferos y aves, fue identificado por primera vez en humanos en muestras de heces en 1975, después de haber sido observados en micrografías electrónicas recibieron ese nombre porque tienen forma de estrella (Stenglein *et al.*, 2012).

### **2.3.1. CARACTERÍSTICAS**

Los Astrovirus son virus sin envoltura, su replicación se lleva en los enterocitos de tractos intestinales de los organismos infectados (Stenglein *et al.*, 2012).

Se ha logrado realizar análisis genético en humanos, murciélago, gato, guepardo, bisonte, oveja, cerdo, pavo y pollo de esta manera logrando su clasificación (Chen *et al.*, 2009).

### **2.3.2. GENOMA**

Son virus sin envoltura y de genoma ARN, con una sola cadena en sentido positivo de 6.8 a 7.2 K.b de longitud, encapsulados en la nucleocápside, se han identificado tres marcos de lectura abiertos: ORF1a y 1b situados en el extremo 5' del genoma que codifica proteínas no estructurales y proteínas de la polimerasa respectivamente, mientras que ORF2 ubicado en el extremo 3' codifica la proteína de la cápside. ORF1b expresa una fusión de proteínas generada a través de un mecanismo de desplazamiento de marco ribosómico usando una secuencia resbaladiza altamente conservada entre ORF 1a Y 1b (Masroor *et al.*, 2013).



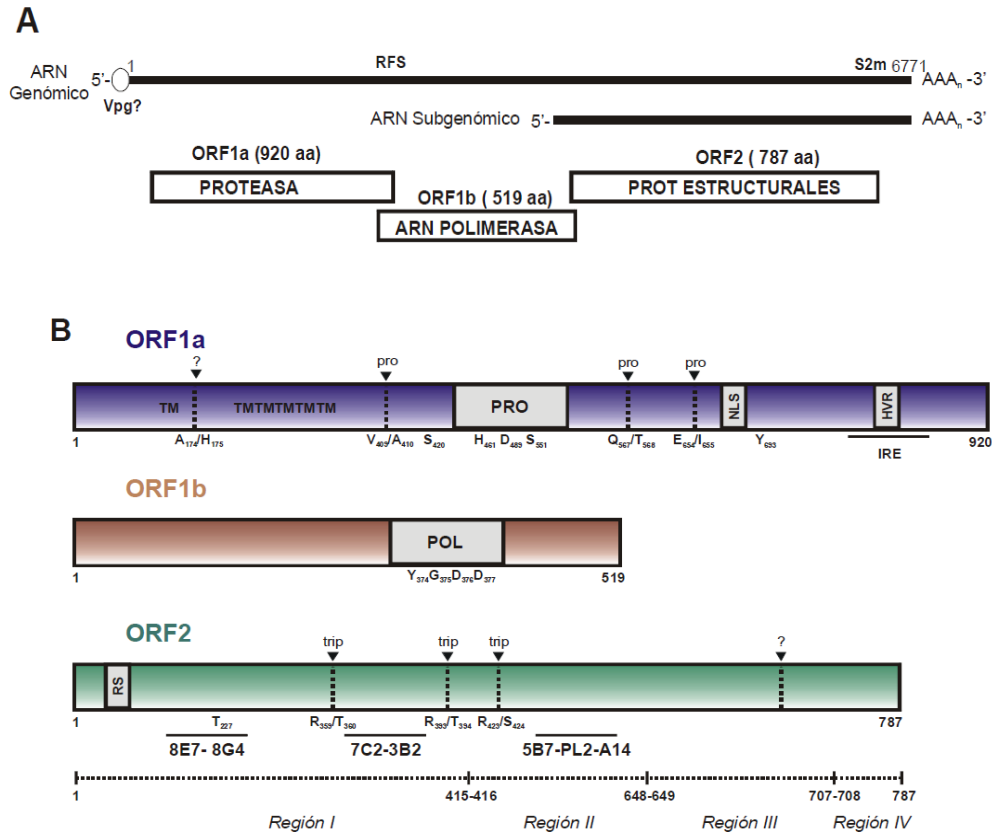


Figura 1. (A) Organización genómica de Astrovirus. (B) Representación esquemática de los 3 ORF's destacando el principal contenido de cada uno de ellos y los residuos aminoacídicos más relevantes (Guix, 2003).

### 2.3.3 VIRUS ARN DE CADENA SIMPLE POLARIDAD POSITIVA

Estos genomas víricos actúan como ARNs mensajeros y ellos mismos son traducidos inmediatamente tras la infección de la célula hospedera. Los virus de esta clase pueden subdividirse en dos grupos: producción de una poliproteína comprendiendo la totalidad de la información genética del virus y producción de ARN mensajero subgenómico, resultando dos o más rondas de traducción del genoma: esta estrategia es empleada para lograr una separación temporal de lo

que son esencialmente fases precoz y tardía de la replicación, en la que se producen proteínas no estructurales, incluida una replicación viral durante la fase precoz seguida de proteínas estructurales en la fase tardía. Además de la proteólisis los virus emplean otras estrategias para producir polipéptidos alternativos, por una lectura de codón de paro de la traducción permeable o por un desplazamiento deliberado de la pauta de lectura ribosomal en un ciclo concreto (Cann, 2005).

#### **2.3.4. DIVERSIDAD**

Astrovirus comprenden 2 géneros: Mamastrovirus y Avastrovirus, dentro de la familia Astroviridae, pueden infectar especies de mamíferos y aves respectivamente. La taxonomía de Astrovirus se basa principalmente en la especie de origen y serotipos dentro de cada especie que son definidos sobre la base de los títulos de neutralización cruzada. La mala adaptación de Astrovirus a sistemas de laboratorio llevo a la formación del genoma basado en la clasificación en un porcentaje similar de nucleótidos y aminoácidos secuenciados de ORF-2 en la cápside proteica. En humanos se conocen ocho serotipos del HAstV1 al V8, aunque recientemente se han identificado 5 nuevas especies Ast V-MLB-1 y 2, AstV-VA1, AstV-HMO-A y AstV-HMO-B (Masroor *et al.*, 2013).

Los Mamastrovirus tienen genoma ARN compuesto de una sola cadena en sentido positivo que codifica tres marcos de lectura abiertos: ORF1a, 1b y 2. Entre el marco 1a y 1b permite codificar proteasas y un ARN polimerasa dependiente y ORF 2 codifica proteínas de la cápside viral. La clonación de ORF 2 en vectores ha permitido el montaje in vitro de partículas similares al virus (Rivera *et al.*, 2009).

#### **2.3.5 REPLICACIÓN.**

El esquema de replicación, transcripción y traducción que se ha postulado para Astrovirus presenta una organización genómica y una estrategia de síntesis de proteína estructurales a partir de un ARN genómico y síntesis de proteínas estructurales a partir de un de ARN subgenómico. Tras la entrada del virus a la

célula hospedera tendrá lugar la síntesis de proteínas no estructurales a través del genoma , estas proteínas transcribirán la cadena negativa completa, la cual a su vez servirá de molde para la síntesis tanto de nuevas moléculas genómicas como de moléculas de ARN subgenómico de polaridad positiva, aunque todavía no está demostrado científicamente parece ser que existe un promotor para el ARN subgenómico que solo será funcional en las cadenas negativas de ARN, finalmente tendrá lugar la síntesis de proteína a gran escala al traducirse el ARN subgenómico; de este modo la presencia de proteínas de la cápside es indicativa de que la replicación del genoma ya haya tenido lugar (Guix, 2003).

La proteína de la cápside de Astrovirus desempeña un papel único en la patogénesis de la diarrea: la proteína de la cápside interactúa con las membranas apicales de los enterocitos, aumentando la permeabilidad favoreciendo la replicación del virus (Rivera *et al.*, 2009).

La teoría propuesta es que el intestino constantemente se encuentra sometido al contacto con agentes patógenos y la principal defensa física contra ellos es la formación de asociaciones epiteliales célula-célula reguladas, conocidas como uniones estrechas, las cuales están compuestas por proteínas transmembranales como ocludinas y claudinas que dan origen a una barrera dinámica impermeable al movimiento de fluidos y solutos entre el compartimento seroso y el lumen, estas proteínas interactúan con proteínas adaptadoras cistósólicas, la cual se coordina con proteínas de señalización para unir la membrana celular con el citoesqueleto de actina. Estas interacciones permiten la estricta regulación de las uniones estrechas y de la permeabilidad de la barrera intestinal y la disrupción de estas uniones puede resultar en un flujo desmedido de patógenos y solutos dentro del cuerpo así como fluido osmótico fuera del cuerpo, la cual puede manifestarse como diarrea (Moser *et al.*, 2007)

### **2.3.6 DIAGNÓSTICO MOLECULAR DE ASTROVIRUS EN CONEJOS**

Según un estudio (Martella *et al.*, 2011) realizado en Italia se obtuvieron varios grupos de animales en total 23 conformados por 2-5 animales cada uno, tenían edades de 35-55 días y se extrajeron porciones de intestino delgado y grueso con contenido intestinal de conejos con enteritis. La detección de Astrovirus se utilizó técnica de PCR. El ARN vírico se extrajo utilizando un kit de ARN viral QIAamo; las muestras de colección se seleccionaron inicialmente para colocarlas en un par de cebadores dirigidos a la región ORF 1b, la selección inicial mostró amplicones de PCR del tamaño esperado de 409 pares de bases. La PCR en tiempo real se realizó mediante un protocolo de 2 etapas y un termociclador en tiempo real. Se obtuvo un amplicón ORF 1b del tamaño de 409 pb y se transcribió *in vitro*.

Otro estudio realizado en Tennessee Estados Unidos (Stenglein *et al.*, 2012) se trabajó con un grupo de conejos que presentaba el 90% de mortalidad por enterocolitis. Para validar este hallazgo se utilizó la técnica de PCR donde se diseñaron varios conjuntos de cebadores degenerados, basándose en regiones conservadas del genoma, usando uno de los pares de cebadores se encuentra un amplicón del tamaño esperado, que se clonó y se secuenció, lo que confirma la presencia de Astrovirus.

## **2.4 PRIMERS**

### **2.4.1 DEFINICIÓN**

Los oligonucleótidos iniciadores o primers son fragmentos complementarios que se van a unir a cada una de las dos cadenas separadas del templado de ADN (Martínez *et al.*, 2006).

### **2.4.2 CARACTERÍSTICAS**

La selección de oligonucleótidos iniciadores es muy importante en la Reacción en Cadena de la Polimerasa, por lo tanto se deben tomar en cuenta las siguientes características para su diseño:

Especificidad: es una parte dependiente de su longitud. Los primers deben ser elegidos de modo que tengan una secuencia única dentro del DNA que será amplificado. Un primer diseñado con una secuencia altamente repetida, dará lugar a productos no deseados (Martínez *et al.*, 2006).

Contenidos de G/C: La proporción G/C es un valor porcentual que indica la relación de los nucleótidos entre guanina y citosina que aparecen en un primer, una proporción adecuada de G/C en un cebador es un rango entre el 40% y 60% del total de nucleótidos, por lo contrario se pueden ver afectada la condición de alineación de los cebadores (Yeh *et al.*, 2013).

Longitud del cebador: En general los oligonucleótidos que tienen entre 18 a 24 pares de bases presentan una especificidad extrema de secuencia, siempre y cuando la temperatura de hibridación sea óptima. La longitud del cebador también influye en la eficacia de la hibridación, en general en cuanto más largo sea el cebador, menos eficaz será la hibridación. Al cebarse menos ADN's moldes en cada fase, esto puede hacer que disminuya de forma significativa el producto amplificado. No obstante los cebadores no deben ser demasiado cortos, salvo que la aplicación lo exija específicamente. El objetivo es un diseño del cebador por lo menos con una temperatura de 50 grados a la alineación (Somma *et al.*, 2006).

Temperatura de fusión: la temperatura de fusión de los primers es uno de los factores más determinantes de la reacción. Existen diversos métodos para calcular la temperatura de fusión, pero aun así calculada la temperatura es necesario realizar diversas pruebas por que pueden existir variaciones (Ye *et al.*, 2012).

Secuencias de los extremos 3': Es establecido que la posición terminal 3' en primers de PCR es esencial para el control del mispriming. La inclusión de un residuo de G o de C en el extremo 3' de los primers ayuda a asegurar el correcto enlace en el extremo terminal 3' debido al enlace de hidrógeno más fuerte de los residuos G/C. También ayuda a mejorar la eficacia de la reacción (Martínez *et al.*, 2006).

Secuencias complementarias del cebador: Es necesario que el diseño de primers no incluya ninguna homología interna del cebador de más de 3 pares de bases. Si un cebador tiene alguna de estas zonas de auto-homología, pueden formarse estructuras con cambios bruscos u horquillas, parcialmente bicatenarias, capaces de interferir con la hibridación al ADN molde. Otro peligro relacionado es la homología entre cebadores. Una homología parcial en las regiones centrales de dos cebadores puede interferir en la hibridación. Si la homología se produce en el extremo 3' de cualquiera de los cebadores pueden formarse dímeros de cebadores, que en general impiden la formación del producto deseado por un mecanismo de competencia (Somma *et al.*, 2006).

#### **2.4.3 DISEÑO DE PRIMERS**

El programa Primer-Blast consiste en un módulo para generar pares de cebadores que pueden ser utilizados y un módulo para el control de la especificidad de la diana de los pares de cebadores generados. El programa Primer Blast fue implementado utilizando el NCBI para comprobar la especificidad pre-existente de cebadores con o sin plantilla. La plantilla de PCR puede ser una secuencia de ADN en bruto en formato FASTA (Ye *et al.*, 2012).

#### **2.4.4 PRIMERS DEGENERADOS**

Los primers degenerados se pueden utilizar: para amplificar secuencias conservadas de un gen o genes del genoma de un organismo o para conseguir la secuencia de nucleótidos después de secuenciar algunos aminoácidos de una proteína de interés. Existe evidencia de regiones altamente conservadas de aminoácidos que se pueden diseñar utilizando primers degenerados; estas regiones pueden ser conservadas entre especies. Los primers degenerados se pueden utilizar para amplificar estas secuencias. Las secuencias amplificadas de esta manera se pueden secuenciar para confirmar que la secuencia sea correcta. Pueden entonces ser utilizadas como sondas para amplificar el gen de interés de una biblioteca geonómica procariótica o de una biblioteca de DNA eucariótica. Cuando se ha aislado exitosamente una proteína de interés o series de aminoácidos pueden ser secuenciados. La secuencia del aminoácido se puede utilizar para

diseñar primers degenerados. El producto de PCR puede ser secuenciado. Si los primers producen una secuencia truncada del gen o parcial, pueden ser utilizadas como sondas (Martínez *et al.*, 2006).

#### **2.4.5 BIOINFORMÁTICA**

La bioinformática es un área de investigación interdisciplinaria que aplica técnicas, metodología y herramientas de la informática y de la información para resolver problemas biológicos. La bioinformática ha desempeñado recientemente un papel vital en el avance de las ciencias biológicas (Fatumo *et al.*, 2014).

Las principales aplicaciones de la bioinformática son gestión, simulación, inducción de datos y análisis de la información generada, con aplicación en la predicción de estructuras proteicas, estudios de secuencias y otras actividades derivadas de la investigación biológica. En sus orígenes se desarrollaban bases de datos genómicos y proteómicos que se construyen con herramientas de software para el análisis de datos (Coltell *et al.*, 2008).

Algunos de los nuevos temas de interés aplicados en la bioinformática son los análisis de datos producidos por los nuevos métodos de alto rendimiento experimental, la biología de sistema y el modelo de la estructura de ARN y sus interacciones (Grabowska *et al.*, 2014).

Como parte de la bioinformática existe otra área derivada que son las ciencias genómicas que es un campo de gran volumen de datos que combinan para descubrir y explorar las características de elementos de secuencia a gran escala (Phanstie *et al.*, 2014).

## 2.4.6 TÉCNICA DE PCR

La PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) es una técnica que permite amplificar un segmento de ADN, de manera exponencial ya que después de cada ciclo se duplica la cantidad de ADN que existe si la reacción ocurre con máxima eficacia. El objetivo principal de la técnica es distinguir y cuantificar de manera específica una secuencia de ácido nucleico en una muestra incluso cuando se presenta en menores cantidades (Rodríguez *et al.*, 2006).

Cualquier segmento de ADN o ARN puede ser amplificado siempre que se conozcan las secuencias flanqueantes de la región diana, es decir podemos amplificar cualquier porción de ácido nucleico conocido o no, siempre que quede comprendido entre dos secuencias conocidas con las que podrán hibridar oligonucleótidos complementarios que actuarán como cebadores para la que la polimerasa pueda copiar hebras molde. Por lo tanto para que la reacción tenga lugar, básicos e indispensables son: ADN molde que se desea amplificar, ADN polimerasa, cebadores de secuencia específica, nucleótidos para la síntesis del nuevo ADN y tampón de reacción que incluye distintas sales requeridas por la enzima (Méndez *et al.*, 2004).

La técnica de PCR consiste en 3 pasos: desnaturalización, hibridación y elongación. El primer paso es la extracción y purificación de los ácidos nucleicos seguido de la amplificación de un segmento seleccionado del genoma del microorganismo mediante reacción en cadena de la polimerasa, es decir, la PCR propiamente dicha. Finalmente, en la tercera etapa se lleva a cabo la detección de los fragmentos amplificados en la PCR (amplicones) por electroforesis en gel de agarosa y tinción con bromuro de etidio o mediante hibridación con sondas específicas (Costa, 2004).



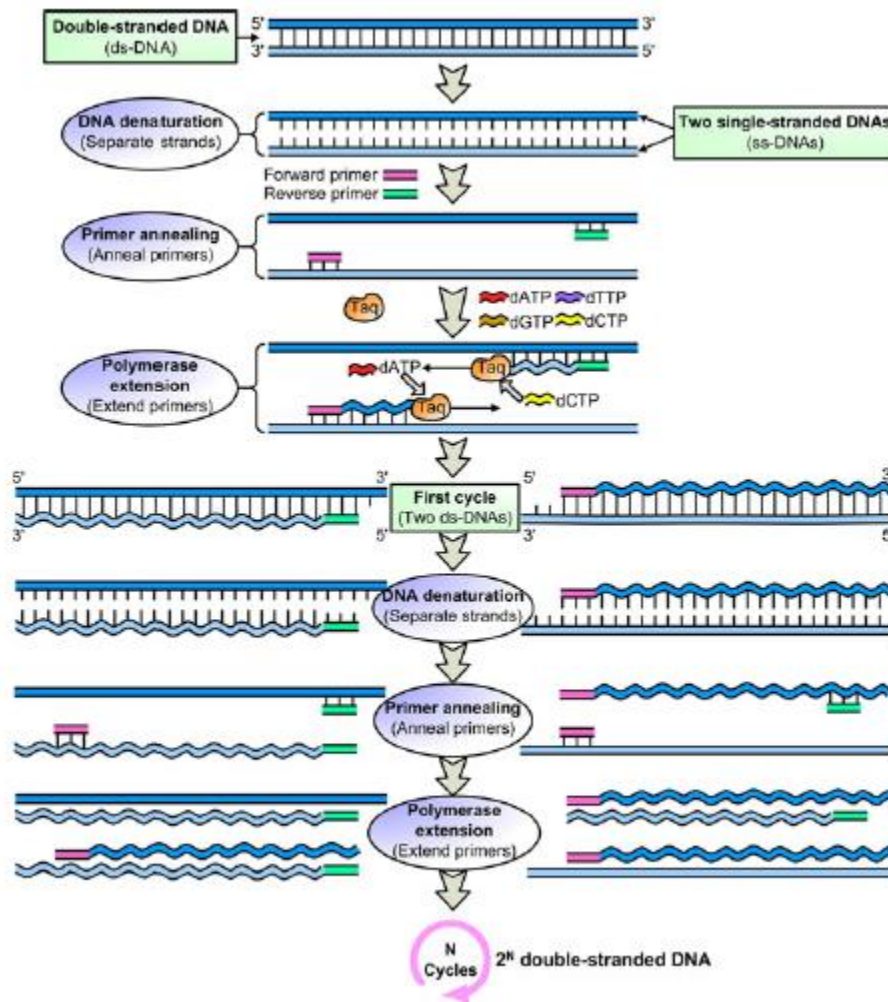


Figura 2. Procesos cíclicos de la Reacción en Cadena de la polimerasa (Yeh *et al.*, 2013).

#### 2.4.6 TIPOS DE PCR

Además de la amplificación de una secuencia diana de ADN por los procedimientos normales de PCR, se han desarrollado varios tipos especializados de PCR para aplicaciones específicas como lo son:

**PCR múltiplex:** Esta técnica utiliza múltiples pares de cebadores para amplificar muchas secuencias simultáneamente, para este tipo de amplificación se utilizan primers con temperaturas de hibridación similares. Las longitudes de los productos amplificados deben ser similares; si hay grandes diferencias entre las longitudes

de los ADN diana se favorece la amplificación de la diana más corta respecto a la más larga, lo que implica diferencias en el rendimiento de los productos amplificados. Por otra parte los buffers de PCR Múltiple contiene un aditivo de la Taq polimerasa, que reduce la competencia entre amplicones y la diseminación de los fragmentos más largos de ADN durante la PCR Múltiplex. Los productos de la PCR Múltiplex pueden seguir hibridándose con una sonda específica del gen con fines de verificación (Somma *et al.*, 2006)

Es adecuada para la identificación de genes múltiples basada en el uso de fluorocromos y el análisis de curvas de fusión de los productos amplificados. Esta multiplex muestra una alta sensibilidad en reacciones dúplex y es una alternativa útil para la PCR basado en la secuencia específica de sondas (Deepak *et al.*, 2007).

PCR en tiempo real: también conocida como Real Time PCR, muestra la capacidad de monitorear el progreso de la reacción de PCR a medida que esto ocurre. Los datos son colectados a lo largo del proceso de PCR y no al final como la PCR común. Utiliza moléculas de un marcador fluorescente para monitorear la amplificación de productos durante cada ciclo de reacción. Esta técnica combina los pasos de amplificación de ADN y la detección en un único ensayo y evita tener que preparar geles de electroforesis para detectar los productos amplificados. Un análisis apropiado de los datos de la química también permite eliminar la necesidad de realizar pruebas de Southern Blot para identificación de los amplicones (Rodríguez *et al.*, 2006).

Algunos de los componentes de la PCR en tiempo real son:

Sondas: las primeras en aparecer fueron las tipo Taq Man (Applied Biosystem), son oligonucleótidos de doble marcaje con un fluoróforo en el extremo 5' y un quencher o apagador en el extremo 3', una vez que este es separado de la sonda

debido a la actividad de la exonucleasa de la ADN polimerasa aumenta la fluorescencia causada por el indicador el cual es cuantificado por el equipo en tiempo real (Hoffman *et al.*, 2009).

Molecular beacons: Tienen una molécula donadora en el extremo 5´ y una receptora en el extremo 3´ y presentan una estructura secundaria en forma de asa, en la que reside la secuencia de unión específica con el ADN diana, los extremos permanecen plegados cuando la sonda no está hibridada, lo que conlleva a que el donador y el receptor estén muy cerca uno del otro. En esta conformación la fluorescencia emitida por el donador es absorbida por el receptor y no es captada por el lector del equipo. Sin embargo, al hibridar con el ADN diana la sonda se abre, alejándose donador y receptor, pudiendo detectar la fluorescencia emitido por el primero (Rodríguez *et al.*, 2006).

Controles internos: es un aspecto importante de control de calidad, es necesario para garantizar una adecuada eficiencia de la extracción de RNA y confirmar la ausencia de inhibidores de PCR en cada muestra evitando así falsos positivos. Se considera una herramienta valiosa, cuando se prueban ácidos nucleicos extraídos de matrices biológicas potencialmente difíciles como el degradado de las muestras donde la presencia de inhibidores de PCR puede ser problemático. En estos casos la co-amplificación de un control interno aumenta la fiabilidad de los resultados, además de validar los resultados negativos. Algunos de los enfoques utilizados consisten en detectar un gen endógeno que ocurre naturalmente en la muestra de ensayo (Hoffmann *et al.*, 2009).

Agentes intercalantes: Las técnicas que usan marcadores fluorescentes específicos emplean sondas de ácidos nucleídos que se unen a amplicones específicos es decir producto de PCR. Los métodos que utilizan sondas fluorescentes tienen la ventaja de ser muy precisos y evitar posibles artefactos o secuencias inespecíficas presentes en el producto de la PCR, por lo que la interpretación de los resultados suele ser más rápida y directa. Es importante mencionar que la mayoría de estas sondas usan el fenómeno FRET (fluorescent resonance energy transfer) para emitir las señales luminosas que se van a medir

en el termociclador a medida que se obtenga el producto de la PCR. El correcto diseño de estas sondas influye también en la eficiencia de la reacción de la PCR en tiempo real (Vinueza, 2009).

Su función es aumentar notablemente la emisión de fluorescencia cuando se unen al ADN de doble hélice. El más empleado en PCR a tiempo real es el SYBR Green. Por otra parte, los agentes intercalantes no permiten la identificación de polimorfismos en la secuencia diana (Costa, 2004).

PCR anidada: es considerada un método sensible y específico para la detección de agentes patógenos y es especialmente útil en estudios epidemiológicos, sin embargo, la preparación de moldes de ADN para la PCR es a menudo costosa y requiere tiempo (Li *et al.*, 2014).

Consiste en dos procesos de amplificación sucesivos, de forma en que la segunda PCR se utilizan primers contenidos en la secuencia amplificada en la primera reacción, es decir el producto de amplificación de la primera PCR es el molde de la segunda. Se aplica cuando se quiere mejorar la sensibilidad y especificidad de la técnica, especialmente en el caso de muestras de baja calidad o con un pequeño número de copias de la secuencia a amplificar (Martínez *et al.*, 2004).

Algunas de las características que tiene la PCR anidada es la restricción de ensayo de polimorfismo de longitud de fragmentos, ensayo de sonda en línea y ensayo de anticuerpos monoclonal específico (Nie *et al.*, 2012).

### **3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA**

Existe escasa información sobre los agentes patógenos que afectan a la cunicultura ya que por la signología que desarrollan, tienen como consecuencia grandes pérdidas económicas a los cunicultores. Es por ello que la necesidad de desarrollar marcadores moleculares que permitan la identificación de estos patógenos es de importancia para la prevención y tratamiento de enfermedades.

En el presente trabajo se pretende hacer la identificación molecular de Astrovirus en conejos, sin embargo no existen iniciadores reportados para este virus en la especie mencionada, por lo cual basándonos en técnicas bioinformáticas se propondrán siete pares de primers diseñados a partir de las secuencias consenso de Astrovirus reportados para diferentes especies a nivel mundial, para la amplificación del genoma completo de Astrovirus en conejos.

#### **4. JUSTIFICACIÓN**

Astrovirus es un virus que afecta a los conejos y la economía de la cunicultura, ya que disminuye la producción y muerte de los animales enfermos debido a la signología entérica que desarrollan, algunos de los signos clínicos que presentan son: enteritis, enterocolitis, diarrea, impactación cecal y deshidratación, de esta manera ocasiona pérdidas económicas importantes a los cunicultores.

En México no existen reportes de este virus en conejos y por lo tanto no existen marcadores moleculares que nos permitan realizar la identificación del virus por lo que el diseño de primers que sean útiles para la oportuna identificación del virus será un aporte de relevancia en el impulso de la cunicultura en nuestro país.

## **5. HIPÓTESIS**

Los primers diseñados son capaces de identificar Astrovirus en conejos con una confianza del 100%.

## **6. OBJETIVOS**

### **6.1. GENERAL**

Diseñar primers para la identificación de Astrovirus en conejos en México.

### **6.2. ESPECÍFICOS**

- 1.- Realizar una alineación múltiple de secuencias con los genomas de Astrovirus a nivel mundial.
- 2.- Diseñar primers para amplificación del ORF1a, ORF1b, y ORF2 de Astrovirus en conejos a partir de regiones consenso de Astrovirus reportados en otras especies.
- 3.- Verificar la especificidad de los primers diseñados para Astrovirus en conejos de México.



## 7. MATERIAL Y MÉTODO

### 7.1 OBTENCIÓN DE SECUENCIAS

Se realizó una búsqueda de secuencias para Astrovirus en el GenBank del NCBI (National Center for Biotechnology Information), se utilizaron los 14 genomas completos de las diversas especies, incluyendo humanos, que se muestran en la tabla 1 obteniendo un total de 107,775 nucleótidos.

ESPECIE	NÚMERO DE ACCESO EN EL GENBANK
Conejo	JF729316.1
Humano	NC_001943.1
Pato	KF753807.1
Pavo	EU143848.1
Bovino	NC_02448.1
Gato	NC_022249.1
Cerdo	JX556691.1
Perro	JQ081297.1
Puerco espín	KJ571486.1
Ratón	NC_015935.1
Rata	NC_018701.1
León marino	JN420359
Zorro	KC692365
Visón	NC_004579.1

Tabla 1. Número de acceso en Gen Bank de secuencias de genomas completos, por especie de Astrovirus.

### 7.2 IDENTIFICACIÓN DE REGIONES CONSENSO

Con las secuencias obtenidas se realizó una alineación múltiple de secuencias utilizando el Software MEGA 6, a partir de las regiones consenso obtenidas en el alineamiento se diseñaron primers sobrelapados de entre 1000 y 1500 nucleótidos. Los primers obtenidos fueron comparados contra las secuencias de virus, conejos (*Oryctolagus cuniculus*), protozoarios, virus RNA de cadena sencilla y bacterias para verificar su especificidad.

## 8. RESULTADOS

La alineación múltiple de secuencias de los 6, 980 nucleótidos de los 14 genomas completos de Astrovirus reportados, mostró una identidad del 80% y 2,350 sitios variables, figura 3.

Species/Abbrv	Gr	*	*	***	*****	*****	*****	*****	****	*	****	****	*	*	*****	*****	*****	*****	*****	*	**	*****																																																																				
1. ASTV RABBIT		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
2. ASTV HUMAN		G	G	C	A	A	T	N	C	G	A	-	-	T	G	C	A	G	A	C	-	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G			
3. ASTV DUCK		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
4. ASTV TURKEY		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
5. ASTV BOVINE		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
6. ASTV FELINE		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
7. ASTV PIG		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	A	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
8. ASTV DOG		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
9. ASTV PORCUPINE		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
10. ASTV MOUSE		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
11. ASTV RAT		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
12. ASTV SEA LION		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
13. ASTV FOX		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	
14. ASTV VISON		A	A	T	A	G	T	G	C	G	A	A	T	T	G	C	A	G	A	C	A	C	A	T	T	G	A	G	C	A	C	T	A	A	C	-	T	T	T	C	G	A	A	C	G	C	A	C	-	A	T	T	G	-	C	G	C	A	T	C	G	G	G	T	T	C	A	T	-	T	C	C	G	T	T	G	G	C	A	C	G	T	C	T	G	G	C	T	G	

Figura 3. Se muestran 180 nucleótidos del Alineamiento del genoma de Astrovirus

### DISEÑO DE PRIMERS POR REGIONES.

Región ORF 1a: de los 2670 nucleótidos (nt) que contiene la región, se diseñaron dos pares de primers en sentido 5'- 3' en regiones consenso, el tamaño de los fragmentos flanqueados fue aproximadamente de 1600 nt.

Par 1:

ORF1aMex1F: 5'CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG3' (1-25)

ORF1aMex1R: 3'ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA5' (1775-1800)

Par 2:

ORF1aMex2F: 5'GTGGTTGACGTCACATACAATGGCG3' (1600-1625)

ORF1aMex2R: 3'CAGGAGCACTCCATTCAGGGTAACC5' (2645-2670)

**Región ORF 1b:** De los 1557 nucleótidos (nt) que contiene la región, se diseñaron dos pares de primers en sentido 5' - 3' en regiones consenso, el tamaño de los fragmentos flanqueados fue aproximadamente de 1600 nt.

Par 1:

ORF1bMexF1: 5'GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG3' (2500-2525)

ORF1bMexR1: 3'ACCAGATGGTTTGGTCCCCTTCTGG5' (3175-3200)

Par 2:

ORF1bMexF2: 5'GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA3' (3100-3125)

ORF1bMexR2: 3'TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC5' (3875-3900)

**Región ORF 2:** de los 2361 nucleótidos (nt) que contiene la región, se diseñaron tres pares de primers en sentido 5' - 3' en regiones consenso, el tamaño de los fragmentos flanqueados fue aproximadamente de 1600 nt.

Par 1:

ORF2MexF1: 5'AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA3' (3725-3750)

ORF2MexR1: 3'CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCCCT5' (4675-4700)

Par 2:

ORF2MexF2:5'GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG3' (4500-4525)

ORF2MexR2:3'AGAAGAGGCGGGAGCCTCCTGCTTT5' (5475-5500)

Par 3:

ORF3MexF3:5'CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT3' (5325-5350)

ORF3MexR3:3'TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT5' (6475-6500)

La posición de los primers diseñados y su solapamiento se muestran en la figura 4.

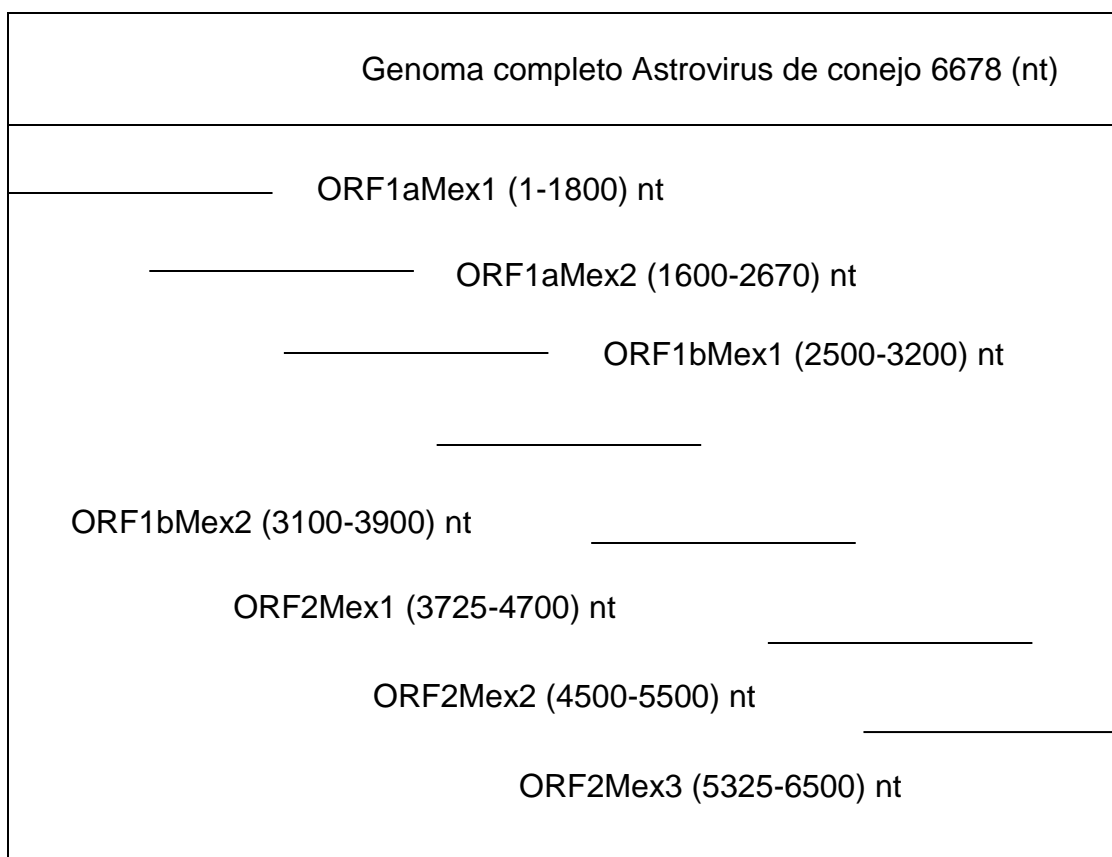


FIGURA 4. Posición de los primers diseñados y su solapamiento

## PRUEBAS DE ESPECIFICIDAD

Para las prueba de especificidad de los primers realizados, se compararon contra las secuencias reportadas del genoma del conejo (*Oryctolagus cuniculus*), en la base de datos BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), de los siete pares de primers diseñados ninguno hibrida contra alguna región del genoma del conejo, como se muestra en la tabla 2.

PRIMER	SECUENCIA	ENTRADA TEMPLADO DE PCR	ESPECIFICIDAD DEL PRIMER
PAR 1: ORF1a Mex1F ORF1a Mex1R	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).
PAR 2: ORF1a Mex2F ORF1a Mex2R	GTGGTTGACGTACATACAATGGCG CAGGAGCACTCCATTCAGGGTAACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).
PAR 3: ORF1b MexF1 ORF1b MexR1	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG ACCAGATGGTTTGGTCCCCTTCTGG	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).
PAR 4: ORF1b MexF2 ORF1b MexR2	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).

Par 5: ORF2 MexF1 ORF2 MexR1	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCCCT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).
PAR 6: ORF2 MexF2 ORF2 MexR2	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG AGAAGAGGCGGGAGCCTCCTGCTTT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).
PAR 7: ORF3 MexF3 ORF3 MexR3	CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> ).

Tabla 2. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con el genoma de conejo (*Oryctolagus cuniculus*) (NCBI, 2014).

Las pruebas de especificidad de los primers realizados, se compararon contra las secuencias reportadas del genoma de virus tipo RNA de cadena sencilla en la base de datos BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), de los siete pares de primers diseñados ninguno hibrida contra alguna región del genoma de los virus reportados, como se muestra en la tabla 3.

PRIMER	SECUENCIA	ENTRADA TEMPLADO DE PCR	ESPECIFICIDAD DEL PRIMER
PAR 1: ORF1a Mex1F ORF1a Mex1R	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla

PAR 2: ORF1a Mex2F ORF1a Mex2R	GTGGTTGACGTACATACAATGGCG CAGGAGCACTCCATTGAGGGTAACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla
PAR 3: ORF1b MexF1 ORF1b MexR1	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG ACCAGATGGTTTGGTCCCCTTCTGG	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla
PAR 4: ORF1b MexF2 ORF1b MexR2	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla
PAR 5: ORF2 MexF1 ORF2 MexR1	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCCCT5	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla
PAR 6: ORF2 MexF2 ORF2 MexR2	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG AGAAGAGGCGGGAGCCTCCTGCTTT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla
PAR 7: ORF3 MexF3 ORF3 MexR3	CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para virus RNA cadena sencilla

Tabla 3. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con virus RNA de cadena sencilla (NCBI, 2014).

Las pruebas de especificidad de los primers realizados, se compararon contra las secuencias reportadas de bacterias en la base de datos BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), de los siete pares de primers diseñados ninguno hibrida

contra alguna región del genoma de otras bacterias reportadas, como se muestra en la tabla 4.

PRIMER	SECUENCIA	ENTRADA TEMPLADO DE PCR	ESPECIFICIDAD DEL PRIMER
PAR 1: ORF1a Mex1F ORF1a Mex1R	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
PAR 2: ORF1a Mex2F ORF1a Mex2R	GTGGTTGACGTACATACAATGGCG CAGGAGCACTCCATTCAGGGTAACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
PAR 3: ORF1b MexF1 ORF1b MexR1	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG ACCAGATGGTTTGGTCCCCTTCTGG	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
PAR 4: ORF1b MexF2 ORF1b MexR2	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
PAR 5: ORF2 MexF1 ORF2 MexR1	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA CATAGCTCTGTTTTGGTCTCCCCT5	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
PAR 6: ORF2 MexF2 ORF2 MexR2	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG AGAAGAGGCGGGAGCCTCCTGCTTT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias



PAR 7: ORF3 MexF3 ORF3 MexR3	CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para bacterias
--	--	---------	--

Tabla 4. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con bacterias (NCBI, 2014).

Las pruebas de especificidad de los primers realizados, se compararon contra las secuencias reportadas de protozoarios en la base de datos BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), de los siete pares de primers diseñados ninguno hibrida contra alguna región de otros protozoarios reportados, como se muestra en la tabla 5.

PRIMER	SECUENCIA	ENTRADA TEMPLADO DE PCR	ESPECIFICIDAD DEL PRIMER
PAR 1: ORF1a Mex1F ORF1a Mex1R	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG ACGCCTTCGTTGTAGCAACTAGAA	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios
PAR 2: ORF1a Mex2F ORF1a Mex2R	GTGGTTGACGTCACATACAATGGCG CAGGAGCACTCCATTCAGGGTAACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios
PAR 3: ORF1b MexF1 ORF1b MexR1	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG ACCAGATGGTTTGGTCCCCTTCTGG	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios
PAR 4: ORF1b MexF2 ORF1b MexR2	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA TCAAAGCCGCCATAAAAAGGGTGACC	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios

PAR 5: ORF2 MexF1 ORF2 MexR1	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCCCT5	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios
PAR 6: ORF2 MexF2 ORF2 MexR2	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG AGAAGAGGCGGGAGCCTCCTGCTTT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios
PAR 7: ORF3 MexF3 ORF3 MexR3	CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	Ninguno	No existe ningún templado de PCR en la base de datos BLAST, para protozoarios

Tabla 5. Prueba de especificidad de primers para Astrovirus en comparación con protozoarios (NCBI, 2014).

Se realizó el diseño de primers para Astrovirus en conejos a partir de 97,720 nucleótidos de 14 genomas completos de Astrovirus reportados para otras especies, lo que permitió identificar 4,630 sitios conservados a partir de los cuales fue posible diseñar siete pares de iniciadores, es importante señalar que estos tuvieron una especificidad del 100% al no tener compatibilidad con ningún otro organismo reportado.

La especificidad de los primers pudo ser corroborada al contrastarlos con 9,986 secuencias reportadas para el genoma de conejo, para virus tipo RNA cadena sencilla fueron 439,488 secuencias, para protozoarios 1,295,078 secuencias y bacterias 1,100,087 secuencias, por lo que en total la comparación de los primers diseñados se realizó contra 2,844,639 secuencias a nivel mundial.

## 9. DISCUSIÓN

Astrovirus es una de las principales causas de gastroenteritis víricas en conejos, aunque existen otros agentes patógenos que se relacionan con la infección por Astrovirus como lo son coccidias del género *Eimeria* spp y virus de cadena sencilla como Calicivirus (Stenglein *et al.*, 2012). Dadas éstas relaciones, en nuestro trabajo contrastamos 1,295,078 secuencias de protozoarios y 439,488 secuencias de virus cadena sencilla sin encontrar ninguna secuencia similar a la de los primers diseñados, logrando demostrar que nuestros primers no hibridan con este género y con ningún otro protozoo o virus.

Otro estudio (Martella *et al.*, 2011), muestra la infección por Astrovirus en combinación con bacterias como *Escherichia coli* y *Salmonella* spp, en un 79% de los casos; se contrastaron 1,100,087 secuencias y de igual forma no existe ninguna hibridación con nuestros primers.

Para Astrovirus la especificidad encontrada es del 100% para los primers diseñados, en contraste con los primers reportados por (Martella *et al.*, 2011) que tienen de 91.9% a 96.6% de especificidad comparado en BLAST, seguido de la secuencia para Astrovirus del león marino que presenta de 69% a 71.3% de especificidad y para (Stenglein *et al.*, 2012), su especificidad para las regiones de Astrovirus ORF1B y 2 es de 92%.

## 10. CONCLUSIONES

Se lograron diseñar siete pares de primers para la amplificación del genoma completo de Astrovirus en conejos a partir de secuencias reportadas a nivel mundial de las diversas especies domesticas y su alineación. Se comprobó su especificidad de cada uno de los pares de primers y sus regiones ante: virus tipo RNA cadena sencilla, bacterias, protozoarios y conejo, logrando comprobar que los primers no tenían ningún tipo de compatibilidad con algún otro microorganismo, manifestando alto nivel de especificidad al genoma de Astrovirus en conejos.

Es necesario completar más pruebas, como la técnica de PCR para comprobar la eficacia al 100% de los primers diseñados, sin embargo dichos primers cumplen con las características idóneas para tener un desempeño exitoso en la amplificación del genoma completo de Astrovirus.

## **11. SUGERENCIAS**

Se sugiere el implementar investigación en el área de diagnóstico molecular, ya que en México no existen reportes al menos para lo que aplica en Astrovirus en conejos y a nivel mundial es muy escasa.

Implementar el uso de bioinformática y bancos de datos para análisis de proyectos, iniciación y completo de los mismos.

Probar mediante la reacción de PCR los iniciadores aquí diseñados para la amplificación de Astrovirus en conejos.

## 12. BIBLIOGRAFÍA

Ávila, M., Rodríguez, M. M., Díaz, A. H., Barrera, B. M., 2008. Diagnóstico virológico de herpesvirus bovino tipo 1. REDVET. 17 (1) : 4.

Bar, S., Daeffler, L., Rommealere, J., Nuesch F. P. J., 2008. Vesicular egress of non-enveloped lytic parvoviruses depends on gelsolin functioning. PLOS Pathogens. 11 (1) : 2.

Buck, C. B., Phan, G. Q., Raiji, M. T., Murphy, P, M., McDermott, D. H., McBride, A ., 2012. Complete genoma secuencia de a tenth human Polyomavirus. Virology Journal. 3 (1) : 1.

Cann, J. A., 2005. Principios de virología molecular. Edit. Elsevier INC 200. 300 (4) : 146-148, 86-87.

Carter, G. R., Wise, D. J., Flores, E. F., 2005. Virología veterinaria. International Veterinary Information Service. 217 (8) : 3-8,23-25.

Claverie, J., Ogata, H., Audic, S., Abergel, C., Suhre, K., Fournier, P., 2006. Mimivirus and the emerging concept of “giant” virus. Virus research. 117 (11): 133-144.

Chen, C. H., Chu, W. K. D., Liu, W. E., Qing, D. B., Yin, Z. S., Xia, Z.J., Feng, L. L., Vijaykrishna, D., Smith, D. J. D., Lin, C. H., Poon, L. M .L., Malik, P. S. J., 2009. Detectiton of diverse astroviruses from bats in China. Journal of general Virology. 5 (1) : 1.

Coltell, O., Arregu, M., Fabregat, A., Portoles, O., 2008. La Bioinformática en la práctica médica: Integración de datos biológicos y clínicos. Revista Médica de Chile. 8 (3): 646-648.

Costa, J., 2004. Reacción en Cadena de la Polimerasa PCR a tiempo real. Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. 10 (3): 4-6.

Cruz, G. L. J., Sola, I., Becares, M., Alberca, B., Plana, J., Enjuanes, L., Zuñiga, S., 2011. Coronavirus gene 7 counteracts host defenses and modulates virus virulence. *PLOS Pathogens*. 25 (2) : 1-2.

Deepak, S. A., Kottapalli, R. K., Rakwal, R., Oros, G., Rangappa, K. S., Iwahashi, H., Masuo, Y., Agrawal, K. G., 2007. Real-Time PCR: Revolutionizing Detection and Expression Analysis of Genes. *Current Genomics*. 18 (1) : 3.

Everet, D. R., 2013. The spatial organization of ADN virus genomes in the nucleus. *PLOS Pathogens*. 3 (1) : 1.

Fatumo, A. S., Adoga, P. M., Ojo, O. O., Oluwagbemis, T. A., Ewejobis, I., Adebisi, M., Bewaji, C., Nashuri, O., 2014. Computational Biology and bioinformatics in Nigeria. *PLOS Pathogens*. 7 (3) : 2-4.

Galluzzi, L., Brenner, C., Morselli, E., Touat, Z., Kroemer, G., 2008. Viral control of Mitochondrial Apoptosis. *PLOS Pathogens*. 16 (4) : 1-4.

Gao, F., Wang, P. Y., Mao, Y. Q., Yao, X., Liu, S., Li, X. F., Zhu, C. F., Yang, Y. F., Liang, L. Z., Lu, M. F., Wang, Z. G., 2012. Enterovirus 71 viral capsid protein linear epitopes: Identification and characterization. *Virology Journal*. 7 (1) : 1.

Gaynor, A. M., Nissen, M. D., Whiley, D. M., Mackay, I. M., Lambert, S. B., Wu, G., Brennan, D. C., Storch, G. A., Sloots, T. P., Wang, D., 2007. Identification of a novel Polyomavirus from patients with acute respiratory track infections. *PLOS Pathogens*. 10 (1) : 1.

Grabowska, A. D., Wywiat, E., Dunin, H. S., Lasica, A. M., Wosten, M. M., Nagy, S. A., Godlewska, R., Bocian, O. K., Pienkowska, K., Laniewski, P., Bujnicki, J. M., Putten, J. P. V., Jagusztyn, K. E. K., 2014. Functional and Bioinformatics Analysis of two *Campylobacter jejuni* homologs of the Thiol-Disulfide Oxidoreductase DsbA. *PLOS Pathogens*. 10 (1) : 2.

Gibbs, A. J., 2013. Viral taxonomy needs a spring clean; its exploration era is over. *Virology Journals*. 7 (1) : 2.

Grenninger, L. A., Runckel, C., Chiu, Y. C., Haggerty, E., Parssonet, J., Ganem, D., DeRisi, L. G., 2009. The complete genome of klassevirus a novel picornavirus in pediatric stool. *Virology Journal*. 9 (2) : 1-2.

Gu, J., Zhang, X., Lian, X., Sun, H., Wang, J., Liu, W., Meng, G., Li, P., Zhu, D., Jin, Y., Cao, R., 2012. Functional analysis of the interferon-stimulated response element of porcine circovirus type 2 and its role during viral replication in vitro and in vivo. *Virology Journal*. 10 (1) :1.

Guan, J., Wen, B., Deng, Y., Zhang, K., Chen, H., Wu, X., Ruan, L., Tan, W., 2011. Effect of route of delivery on heterologous protection against HCV induced by an adenovirus vector carrying HCV structural genes. *Virology Journal*. 9 (1) : 2.

Guix, A. S., 2003. La proteína NPS1/A y el ciclo biológico de astrovirus aplicación en biología molecular. Universidad de Barcelona. 137 (2) :7 y 21.

Gunther, T., Grundhoff, A., 2010. The epigenetic landscape of latent kaposi sarcoma – associated Herpesvirus genomes. *PLOS Pathogens*. 19 (1) : 1.

Herrero, U. L., 2011. Viruses , definitions and reality. *Revista de Biología Tropical*. 7 (1) : 3.

Hoffman, B., Beer, M., Reid, M. Scott., Mertens, P., Oura., L. A. Chris., Van, R. A. P., Marek, J. S., Banks, J., Brown, H. L., Alexander, J. M., King, P. D., 2009. A review of RT-PCR technologies used in veterinary virology and disease control: Sensitive and specific diagnosis of five livestock diseases notifiable to the World Organisation for Animal Health. *ELSEVIER*. 23 (4) : 3-5,10.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> National Center for Biotechnology Information

Huanyu, W., Haiyan, W., Shihong, F., Guifang, L., Hong, L., Xioyan, G., Lizhy, Rayner, S., Aiquiang, X., Guodong, L., 2012. Isolation and identification of distinct



strain of culex flavivirus from mosquitoes collected Mainland China. *Virology Journal*. 8 (1) : 1.

Hunt, M., 2010. *Basic virology: Definitions, classification, Morphology and Chemistry*. Microbiology (5th ed.).

Hyun, J. K., Accurso, C., Hijnen, M., Schult, P., Pettikiriachchi, A., Mitra, A. K., Coulibaly, F., 2011. Membrane remodeling by the double – barrel scaffolding protein of poxvirus. *PLOS Pathogens*. 14 (1) : 1.

Johne, R., Buck, B. G., Allander, T., Atwood, W. J., Garcea, R. L., Impereale, L. J., Major, O. E., Ramqvist, T., Norkin, L. C., 2011. Taxonomical developments in the family Polyomaviridae. *Arch virol*. 13 (1) : 2

King, M. Q. A., Adams, J. M., Carstens, B. E., Lefkowitz, J. E., 2011. *Virus taxonomy*. Elsevier Inc. 1327 (1) : 334.

Kopek, G. B., Perkins, G., Miller, J. D., Ellisman, H. M., Ahlquist, P., 2007. Three dimensional Analysis of viral RNA replication complex reveals of virus induced mini-organelle. *PLOS Pathogens*. 13 (2) : 1-2.

Kulshreshtha, V., Kibenge, M., Salonius, k., Simard, N., Riverol, A., Kibenge, F., 2010. Identification of the 3' and 5' terminal sequences of the 8 RNA genome segments of European and North American genotypes of infectious salmon anemia virus (an Orthomyxovirus) and evidence for quasispecies based on the non-coding sequences of transcripts. *Virology Journal*. 19 (1) : 2

Krumm, B., Meng, X., Wang, Z., Xiang, Y., Deng, J., 2012. A unique bivalent binding and inhibition mechanism by Yatapoxvirus interleukin 18 binding protein. *PLOS Pathogens*. 15 (1) : 1.

Krupovic, M., Forterre, P., 2011. Microviridae goes temperate: microvirus-related proviruses reside in the genomes of bacteroidetes. *PLOS Pathogens*. 9 (1) : 1.

Lam, E., Stein, S., Pedersen, F. E., 2013. Adenovirus detection by the cGas/STING/TBK1 DNA sensing cascade. *Virology Journal*. 1 (1) : 1.

Lee, J. I., Sollar, P. J., Baver, S. B., Pickard, G. E., Leelawong, M., Smith, G. A., 2009. A Herpesvirus encoded deubiquitinase is a novel neuroinvasive determinant. *PLOS Pathogens*. 10 (1) : 1.

Li, J., Zhang, Q., Wang, T., Li, C., Liang, M., Li, D., 2010. Tracking hantavirus nucleocapsid protein using intracellular antibodies. *Virology Journals*. 8 (1) : 1.

Li, L., Pasevento, A. P., Leutenegger, M. C., Estrada, M., Coffey L. L., Naccache, N. S., Samayo, E., Chiu, C., Qiu, J., Wang, C., Deng, X., Delwart, E., 2013. A novel bocavirus in canine liver. *Virology Journal*. 4 (1) : 2.

Li, P., Zhao, Z., Wang, Y., Xing, H., Parker, M. D., Yang, Z., Baur, E., Li, W., Sattabong, J., Sirichaisinthop, J., Li, S., Yan, G., Cui, L., Fan, Q., 2012. Nested PCR detection of malaria directly blood filter paper samples from epidemiological surveys. *Malaria Journal*. 1(6) : 1.

Maluquer, M. C., Hundesa, A., Almeida, F. C., Bofill, M. S., Girones, R., 2011. Isolation of novel monkey adenovirus reveals a new phylogenetic clade in the evolutionary history of simian adenoviruses. *Virology Journal*. 8 (1) : 1.

Mansur, S. D., Maluquer, M. C., Untehozner, L., Sumner, P. R., Ferguson, J. B., Ren, H., Strnadova, P., Bowie, G. A., Smith, L. G., 2013. Poxivirus targeting of L3 ligase Beta – TrCP by molecular mimicry: A mechanism to inhibit NF-KB activation and promote immune evasion and virulence. *PLOS Pathogens*. 14 (1) : 1.

Martella, V., Moschidou, P., Pinto, P., Catella, C., Dessario, C., Larocca, V., Circella, E., Banyai, K., Lavazza, A., Magistrali, C., Decaro, N., Buonavoglia, C., 2011. Astroviruses in rabbits. *Emerging infectious diseases*. 11 (2) : 2-3.

Martinez, F. F., Jimenez, O. A. F., Villegas, C. H., 2006. Biología molecular de los vectores adenovirales. *REDALYC*. 12 (3) : 3-6.

Masroor, A. M., Khusrhid, A., Suleman, R. M., Shaukat, S., Sharif, S., Angez, M., Naeem, N., Zahoor, Z. S. S., 2013. Serotype diversity of astroviruses in Rawalpindi, Pakistan during 2009-2010. *PLOS Pathogens*. 8 (2) : 1-2.

Mattar, S., Puerta, H., Cantillo, C., Peña, Jose., 2007. Hantavirus y otros virus hemorrágicos. *REDALYC*. 21 (1) : 6.

Méndez, A. S., Pérez, R. E., 2004. La PCR múltiple en microbiología clínica. Laboratorio de Biología Molecular, Unidad de Investigación, Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria. Santa Cruz de Tenerife, España. 9 (1) : 3.

Moser, L. A., Carter, M., Schultz, C. S., 2007. Astrovirus increases epithelial barrier permeability independently of viral replication. *Journal of virology*. 81-21.

Milho, R., Fredreric, E., Efstathiou, Stacey., Stevenson F. G., 2012. A Heparan depend herpesvirus target the olfactory neuroepithelium for host entry. *PLOS Pathogens*. 40 (1) : 1.

Montassier, J. H., 2010. Molecular epidemiology and evolution of avian infectious bronchitis virus. *Revista Brasileira de Ciencia Avícola*. 11 (3) : 1-3.

Morais, T. A., Terzian, C. A., Duarte, V. D., Bronzoni, B. R., Madrid, C. M., Gavioli, F. A., Gil, H. L., Oliveira, G. A., Zanelli, F. C., Valentini, R. S., Rahal, P., Nogueira, L. M., 2013. The eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L protein interacts with Flavivirus NS5 and may modulate yellow fever virus replication. *Virology journal*. 30 (2) : 4-5.

Morin, B., Coutard, B., Lelke, M., Ferron, F., Kerber, R., Jamal, S., Frangeul, A., Baronti, C., Charrel, R., Lamballerie, D. X., Vonnrhein, C., Lescar, J., Bricogne, J., Canard, B., 2010. The N-Terminal domain of Arenavirus L protein is an RNA endonuclease essential for mRNA transcription. *PLOS Pathogens*. 45 (3) : 3-5.

Moser, S. T., Johnes, G. R., Thompson, B. C., Coyne, B. C., Sherry, S., 2010. The N-Terminal domain of Arenavirus L protein is an RNA endonuclease essential for RNA transcription. *PLOS Pathogens*. 15 (1) : 1.

Narvaiza, I., Linfesty C. D., Greener, N. B., Hakata, Y., Pintel, J. D., Logue, E., Landau, N. R., Weitzman, D. M., 2009. Deaminase –independent inhibition of parvoviruses by the APOBEC3A cytidine deaminase. *PLOS Pathogens*. 14 (2) : 1.

Nchoutmboube, A. J., Viktorova, E. G., Scott, J. A., Ford, A. L., Pei, Z., Waitkins, A. P., Ernst, K. R., Belov, A. G., 2013. Increased long chain acyl-coa synthetase activity and fatty acid import is linked to membrane synthesis for development of Picornavirus replication organelles. *PLOS Pathogens*. 53 (3) : 2-4.

Nie, J. J., Xia, S. K., Li, Jie., Wang, J., Jin, Hui., Wang, L., Min, L. F., Li, T., Yan, Ling., Y, Xian, Y. X., Sun, S. M., Zhuang, H., 2012. A type-specific nested PCR assay established and applied for investigation of HBV genotype and subgenotypes in Chinese patients with chronic HBV infection. *Virology Journal*. 9 (1): 2.

Obando, C., Hidalgo, M., Montoya, Y., Boyer, L., Bracamonte, M., Conde, F., Garzaro, M., 2010. Identificación molecular de una cepa de herpesvirus bovino tipo 2 en Venezuela. *REDALYC*. 6 (1) : 2.

Orraca, C. O., Gonzalez, V. L., Casanova, M. C., Guerra V. D., Sanabria N. J., 2011. Inmunopatología de la influenza A H1 N1. *REDVET*. 14 (7) : 6-13.

Oldstone, , B. A. M., 2009. Anatomy of viral persistence. *PLOS Pathogens*. 4 (2) : 1-2.

Patel, P., Landt, O., Kaiser, M., Faye, O., Koope, T., Lass, U., Sall, A. A., Niedrig, M., 2013. Development of one step quantitative reverse transcription PCR for the rapid detection of flaviviruses. *Virology Journal*. 11 (2) : 1-2.

Phanstiel, D. H., Boyle, P. A., Araya, L. C., Snyder, P. M., 2014. Flexible, quantitative and integrative genomic visualizations for publication-quality multi-panel figures. 3 (1) : 2008.

Plempner, K. R., Brindley, A. M., Lorio, M. R., 2011. Structural and mechanistic studies of measles virus illuminate Paramyxovirus entry. *PLOS Pathogens*. 6 (2) : 1-2.

Porwal, M., Kohen, S., Snoussi, K., Popa, W. R., Anderson, F., Dugot, S. N., Wodrich, H., Dinsart, H., Kleinschmidt, A. J., Pante, N., Kann, M., 2013. Parvoviruses cause nuclear envelope breakdown by activating key enzymes of mitosis. *PLOS Pathogens*. 16 (1) : 2.

Pujol, H. F., 2006. Virus en primates no humanos, zoonosis, antropozoonosis y biodiversidad. *Interciencia*. 8 (1) : 2.

Rivera, R., Nollens, H. H., Venn, W. S., Gulland, D. M. F., Wellehan, X. F. J., Jr., 2009. Characterization of phylogenetically diverse astroviruses of marine mammals. 8 (1) : 1.

Rodas, D. J., Salvato, S. M., 2006. Tales of mice and men: Natural history of Arenoviruses. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*. 20 (1) : 1.

Rodríguez, G. M., Rodríguez, L. W., 2006. PCR en tiempo real. *IBT-UNAM*. 55 (5): 6-7,14-17.

Roux, S., Krupovic, M., Poulet, A., Debroas, D., Enault, F., 2012. Evolution and diversity of the Microviridae viral family through a collection of 81 new complete genomes assembled from metagenomic reads. *PLOS Pathogens*. 12 (1) : 2.

Sawicky, G. S., Sawicky, D. L., Younker, D., Meyer, Y., Thiel, V., Stokes, H., Sidell, G. S., 2005. Functional and genetic analysis of Coronavirus replicase – transcriptase protein. *PLOS Pathogens*. 13 (3) : 1-3.

Siebrasse, E. A., Reyes, A., Lim, E. S., Zhao, E. G., Mkakosya, R. S., Manary, M. J., Gordon, J. I., Wang. D., 2012. Identification of MW Polyomavirus, a novel Polyomavirus in human stool. *Journal of Virology*. 14 (2) : 1-2.

Somma, S., Querci, M., 2006. Reacción en Cadena de la Polimerasa. European Comission. 34 (3): 8-10.

Stenglein, D. M., Velazquez, E., Greenacre, C., Wilkes, P.R., Ruby, G. J., Lankton, S. J., Ganem, D., Kennedy A. M., Derissi L. J., 2012. Complete genome sequense of an astrovirus identified in a domestic rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) with gastroenteritis. *Virology journal*. 27 (2) : 2-3.

Suarez, A. L., Faye, V. D. L., 2008. Endothelial cells support persitent Gammaherpesvirus 68 infection. 16 (1) : 1.

Tao, J. H., Ye, Q., 2010. RNA virus replication complexes. *PLOS Pathogens*. 3 (2) : 1.

Vargas, S. D., Jaime, J., Vera, J. B., 2009. Perspectivas para el control del virus de la diarrea viral bovina. *REDALYC*. 13 (1) : 3.

Vinueza, B. C., 2009. PCR en tiempo real: la nueva era de la información genética celular. *REDVET*. 15 (3) : 3-6.

Workenhe, T. S., Kibenge, J. M., Wright, M. G., Wadoswka, W. D., Groman, B. D., Kibenge, S. F., 2008. Infectiuos salmon anaemia virus replication and induction of alpha interferon in Atlantic salmon erythrocytes. *Virology Journal*. 12 (2) :2-3.

Wozniakowski, G., Kozdrun, W., Samorek, S. E., 2012. Loop-mediated for the detection of goose circovirus. *Virology Journal*. 11 (2) :2-3.

Wu, B., Grigull, J., Ore, O. M., Morin, S., White, A. K., 2013. Global organization of a positive strand RNA virus genome. 15 (1) : 1.

Yadav, D. P., Mishra, C. A., Mourya, T. D., 2008. Molecular characterization of umbre virus (*Bunyaviridae*). *Virology Journal*. 4 (1) : 4.

Ye, J., Coulouris, G., Zaretskaya, I., Cutcutache, I., Rozen, S., Madden, L. T., 2013. Primer-BLAST: A tool to design target- specific primers for polymerase chain reaction. PLOS Pathogens. 11 (3) : 1-3.

Yeh, C. L., Huei, C. Y., Hong, Y. C., 2012. Specific primer design for the polymerase chain reaction. Biotechnol let. 9 (3) : 3-5.

Yu, B., Wang, Z., Dong, J., Wang, C., Gu, L., Sun, C., Kong, W., Yu, X., 2012. A serological survey of human adenovirus serotype 2 and 5 circulating pediatric populations in Changchun, China, 2011. Virology Journal. 5 (1) : 1.

Yu, M. J., Li, Y. X., Ao, Y. Y., Li, L. L., Li, N., Li, S. J., Dan, J. Z., 2013. Identification a novel picornavirus in healthy piglets and seroepidemiological evidence of its presence in humans. PLOS Phatogens. 9 (1) : 1

Zheng, W., Olson, J., Vakharia, V., Tao, J. Y., 2013. The crystal structure and RNA binding of an Orthomyxovirus nucleoprotein. PLOS Phatogens. 10 (1) : 1.

Zimmer, C., 2006. Did DNA come from viruses?. Science news. 312, 870-872.

## 13. ANEXOS

### 13.1 SECUENCIAS DE GENOMAS COMPLETOS DE ASTROVIRUS REPORTADAS MUNDIALMENTE POR ESPECIE.

> Astrovirus genome in rabbits. Num. access in GenBank : JF729316.1

```
CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAGCCGGCCAGAGAGCCTATTACCACTCTCCAGCTGATGAGGCCCTTG
GCCTTGGCAACCCCAAGGCCAGGCGGATCCTCAGGCGGGCATCCGCCGAGTCAGGGGAAATCTTAAAAA
GATCTTCCCTGACCCCAATTCCTCTAGCCATTGGCTATCCATTACGTGGGTACTATTGGCCGACTACAGGT
TTCCAACGTGTAATTTCTGCGTCTGGAGTTGTGCGCGATGTGTACCGCACCTACGTTTTGGATGTTGTCT
CTGGTTCAGAGGATTGGGTTGAGTTCCCCGCTGAAGAAGACCAAACCACGGCTTTTTTCGGGCAGCTCGT
CTGTCACCATGAGCGTGTTAAAAGCCTAAACCGTGGACTTCGCAATGATCTTGCTTCATCCAATCTTCGG
GAAGAACTCCTACGCGGTGAACTTGCTCGCTTGAGACGTGAAGATCAGCCCTCGACCACCCGGGCTTACT
ATTCTTGGAAGATCATGTGGATCATGTTCAAGATAGTGGCCCTGTCCTTTACTCTTGGTATGATTTTTCA
TCACGCTAGCGCGGAAACAAACATCACACCCCCTGTCCAAGGGCCAGCCCGTGAGGGTTGGTTTTGAACGT
GCCTGGTTCGGTGAGTACAGGGATTGGCACAGGACCGTCACTGCTAAGCTCGCTGACGGCTACGTTGAGA
AGGACAGAGCTTTAGATGATGCTAGCGAAGCTGCTGAAGAGTTTAGGACAAAAGCTGAAGCCTACCGGGA
AGCCGGTAAGAAGGTGACCAAACCTTTAGGCGAGATGTGGTCAATAGACTGGTACAAGAGGATCATGACT
TTCCCTTGAGTGGGCGCGGGTCCCCAATGACCATTGGATTTACCCTACAGCTCGGATGCTTGCAGTCATCT
TACCTGAGGTCCCCTGGTGGGCCCTCGTCGCGACAAGTCTTGCTGTGTGGCGTACCTTCAAGGATCTGCA
CCCGCTTGCTGCTCTCGCCTTTCTCGTCATGGCGACCATGACCAAAATGAAGTTTGCCGCCTTGACTGTA
ACTCCTTTCTGAATCAGGTAACGACTATCAGTTTCTTAATTATCGGAACAGTCTATTTTTATAGACCCAG
TAATTGGCATCCTTGCCGCCTTGCCGCTCGTTCGGATAATTGCTCTAGTCTGTTGTTTTCTCCCTGATGT
TGATTGGCGCCAGATGGTCTTTGGACACGCACTGATTACATTGTGCGTGGTTAGTTGCCACTTTGCCGAT
CTTTTCGGGCTTGATCTAACGCCGTTGCCGCGGTCCCTCTTTGTTACCGCATGTGGAAGGCCATAGATG
GCTTCGGTGCTCAGACTGTTGAGTTTAGGGACTCTACAGGGAAGGTTATTGCCAAAACATCAAATGTTCC
AAATTGGCTCTGGAAATTTGGGCAGAGCGGTTCCAGAGCCAAGCAGAAGTTGAGGCAGAAGTTGAGGAAC
ACCGTTGCACCATTTGTGCGCGTTTGCCGAGAATCACTCTGTACTGTCACCGCAGGGGACTCCCAAGGGA
CTGGCTTTAGGTGTGGCAACGACATAGTAACTGCTAAGCATGTTGTTGCTGGGCTTAAGGTGGTTGACGT
CACATAAATGGCGCGACTTACCAAGCTGGGATACGGCTTGAGCTTGAGAAGGACATTGCTCTTCTTAAG
CTCCCTCCCCAACTTCAAACATATGCCAGCCTCAAGATTTCCAAAAAACCCGTCTATGACACCATAACGA
TAGTTGCTCGTGACGGTGTGGAATTTAGTTGCTACAACCGAAGGCGTCTGCCATGGGGACACCATATC
TTATGCCTGTCTACTCGGGATGGCATGAGTGGTGTCTCCTGTGGTTGACATTAATGGCCATGTCCTTGGG
GTACATCAGACCAACACAGGCTACACTGGCGGCGCGGTTGTTTTGACTCAGGTGGATGTTTACGCTGTCA
GTCAGAAGGAGCTTGAGCTCCTAGAGCTTCGCAAACAAACCGAGGCCCTTAAGCAGCAGCTCGCTGACTT
GCTAGCCGGTAAGAACCCTGCCTGTGGAATCTCCAGTCTCAATCAGAGAGGCCCAATCCTGTGGTTGTT
TTGCCAGACCCTGTGCCTGAACCAGCCAAAATAGTCGCCCCACAGTTACCTGAGGACCTACGGCGACTTA
ATGAAGAGATCAATAAGATGGCAGCAAAAAGTGAGACAATCCTCCGTAGGATGGATGATTTTTGGTCAGGC
```



CATTAAGGATCTTGAGAAACAGCGCGCCGCTGATGAAGCTGGAAACCAGAAGGTCTGGGATGAAGTCAAA  
AAGAACATCAGTGAACAGCAGCAGAAAAACGAGGAAAAGATTACTGAGTTCGCTCAGCGGATGAGTCAAC  
AGGATGAATCACAGGTCATCCAGCTCGTTTCGTGCCGCTGTCCAACAGGAGATCCAGATTGTTTCGAGATGA  
GCTCAATCAGATTTTCTTCCAGAAGAAGAAGGGCAAGAACAAGAGGGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG  
CCCCCTCCTTAGGAAGGGCCAGAAAATGCTGACAGAAGAGGAGTATGATGAGCTCCTTTCCAAAGGCCTTT  
CCCGTGAAGCCTTGCTTGATGCCGTTGAAGAGATCGTCCGTAATAAGATTGGTTACCCTGAATGGAGTGA  
TCCTGATGATTACTCGGATGATGAGGACGATCTTTTTGAGATGGGTTATAATATTAGGCGCGCTTGCCCC  
CCTGATGACTTCGAGGAGGAACGTGAGAGTCGTGAACGGTTTTGACCCCGACGATGAGAAATACTTTTCCA  
AGTACGCTGACTGGGACTCTTTTTCCAGGGTGTCAAAGTGTGAGGTTTGTGACAAAACCGATCTGGGA  
CGACTACAACCTGCGGTCCCTGCCCTCAACAGCACCTCTCGAAGTATGACCCTTCTGAGTTCATAATGACC  
AAGGTTGATATGCAGCTCCTCAAGGACTACATATTGGCCCTCAAGACTCTGGTCAGTGCCCTCCAAGGATC  
TTTCAGCTGACCTCTGGAAGAAACATCAGAAACAGCTTACTGATAAAATGAATGAGGCCCTTTTTAAGCT  
AGATATGGCTGCATGGGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTACAGCGCATGAAACCGCGCAAGCAGAAAAAC  
CCTCAGGTTTTCAAAAACTCCCAGAAGGGGACCAAACCATCTGGTCCCCAGAAGAATGCAAAGTACTAGACTA  
TTGGAGACAGCTAGTGGGTCCCTGGTACCCGCTGGCTTGTCCCTGCCAGCTACCCGCTGGTGGGATCAGTC  
CCAATTAATAGGCCAGTAATTGATGATAAGTTAGTTGATGAACCCCTTGCTTGGCCTTCTACCACCAGTTG  
ATCCAAATTTAGTTGAGCTCTATGGCCCTCCACGTGGGGCCCTGAGGCATATGCCACCAGCTTCGATAA  
GTTTGAATACGGCCAGTGTGATGACTTCTTTTTCTAAGTATCCTGAGATGTGTGAGTTTGTCTGATTGGGCC  
TTCTATCGGCATTTTCGCTTACCTCCAGGATTCCATCTTTGTCAACATGATGGCCACTGAAAAGAATCAAG  
AGTCCACTCCCGCTACCCCAAAATGATGCGGTGGTCCACTGAGGCAGACTACCTCTCTGATTGTGGGTG  
GCGAGACTATATATTAGAATTTGACCGTATCAAGGCTGGTGTCTCGCCCTAAAGTGTGCTGGTATCTTTTT  
CTCAAGAAGGAGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGATAAGCATGACATCCGTCAGATTGTCTGCTCCGATC  
CCATCTACGCACGCATAGGGTGTCTTTTGAACAACATCAGAATGCCCAGATGAAGACAGTCACAGAGAG  
CTCTTCTGGCCAGTGTGGTTGGTACCCTTTTTATGGCGGCTTTGAACAACGAGTGCGCCGCTTGAATCA  
AAGGGTAACCACTACTACATCGAGTTTGATTGGACACGCTTTGATGGCACCATACTGTCCCTTTGTTTA  
TGCATATTAAGAAGCTGCGCTTCTCTCTTTTTCCGCAAGGATTTGAGAGATCAGTATGCATCCATATAACAG  
ATGGTATTGCAAGCAGCTCCTCAACAGGTATGTGCTACTCCCCTCTGGGGAGGTCACCATTACAGCGGAAG  
GGAAATCCTTCAGGCCAGATAAGCACCACCACAGATAATAACATGGTCAACTATTGGCTTCAAGCATTG  
AGTTTGCATATCTTAACGGTCCCGACAAAGACCTTTGGGACCGTTATGACACCCTTATATATGGTGATGA  
CAGGCTCACCAACACGCTGTCTCCATCTGATTATGTTAATAAAGTTGTGAAAATGTATAAGGATGTC  
TTTTGGAATGTGGGTTAAACCTGAAAAGGTGATAGTCCAGCCCAGTCCCATTGGGCTGTCTTTTTGTGGTT  
TTGAGATCAACCCAGACTATCTACCTGTTCCATCACAACCATATAAGATGATGGCCTCACTCCTGAAACC  
AGCAAGTAAACTGCAGGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAGCTCTTGTGTTTTCAACTGCTGATGCATAAT  
GCTCCTGATGACCATCCTTTTTAAGGAGTACCTCGAGAGGTGCCTGGTTGCGCTTCGCAGCCACTCTCTTG  
GAAGCGGTTTTGCCCTACCGCTTCACGGAAGAGCAGCTTGATTACATTTGGAGGGGAGGACCAAAACAGAG  
CTATGGCTAACAAGCCTGCTCCAGTCCCCTCTCGTGGTCAGCGGGCTCGCCGCCGGGGCCCGCGCTGC  
GCAGAGTCAGCAAACGGCGCAGAAACGTGCCAGACGCCGCCGAAACCCACCAAGGCAGCGTAGACATCAG  
CGACGGACCAGGGCCGTTGCTCGCAGTGAAGTGAAGCGGAGGTCCACCGCTCGGCCTTACTGGGCCTA  
AGGTCGCCGTTTTCCAGACGGTTACGGCGACATTGGGTACGATAGGAGCTAATAGCTCGGACCGTGTGCA  
ACTCGAGATGGCTTCAATGCTCAATCCTGCCCTCGTGAAAGAGACAAACGGCTCCAATGCTTTTTGGCCCC  
ATTCAAGCCCTTGCGGCCAGTTTTGGCTTGTGGCGGTGTGTACAGGCTCACATTAGGTTCACTCCTCTTG

TTGGCTCCTCCGCTGTTTTAGGTTACTGCTGTGTCAGAGCTTCCCTCAATTTGACATCGACCCCTGGCTCAAC  
TTCATGGTCCGGACTTGGCGCTCGCGTTCACCGCGATGTCAATGTGCGGCAGTCTGGCATTTTTTAAGCTT  
GCCAGAAAACAGCTCGCTGGCCCTCGTGAGTCTGGTGGCTCACTAATACAAATGATGACAAAACCCAGT  
CCCTTGGACCCACAATTGAAATCCATTCCCTTGGGCCAGACAGTTTCCACCTATCAGAATACACCATATGC  
TGGGTCCCTTGTTCCTTGTGAGCTTTCGTGCTACCTGGGAATTCGCAAACCTACCTCACCCAACCGTCATTG  
GCAACACTGTCAAAGCAGGAGGCTCCCGCCTCTTCTGTACCATTGACGCTGCAACTGCTGGTGAGCCGA  
TCACTATGACTGTACAGACGCATCGACAGTTGAGGCCCTGTCAATTGCTTTTCGGACATGCCCTACTCTTC  
CCTCTCTAGGGCTACCGGGACCTCTGTCTCATCTACGATCTTCCAGGTTGTTGATGCCTCTGTTTCCACT  
GCAGCCAGCCTTCTTCCACCTCCTTTTGGTTGGCTCCTTGCAGGCGGTTGGTGGTTTGTGAAGCGCGTGA  
TAACATCAAGCACTCGCGCCAACACAGTGAATTTAGATCTACGCTTCTGCAGAAGATGCTGCTGCTGA  
CCGGCCTTGCATTGCAACTGGAACCTCCACTCAACAGAGTCTCTCAGGCGTTGTACAATTCAATCAGATC  
AATGCGCCCAACACCGGCACAAGCACAGTAAGTGTGTCGTCAGGGTCGAGTGGCAAATCCAGAACTCCAAC  
CAGGTGACCCCTTTGGCCTACTCGCTTTTCGGGCTTACTCCAGTCATCTACTTGTCCAACACATTTAACAA  
GAATCTAAATGGCTGGATACAGAATCATGTGAATGCTGTGGTTGGCCTGTGGATCCAAGATTCCCAGGGC  
AACTATAGTGGCCGCGTCAACCAGGCTTGGGTTTTTTCGACCCCGCTTTCACAGGTCACGGGTTTTGTTG  
CCCCCGACCTCCACCTAACCAGAGTTTTTCTGTTGTCTCTAGAGTTAACTCCACCTCCAGCTCCGTTGT  
CACCCGTGATTTTGCAGGCTACTTTCAAGCGGGCAGCGAGATTGGCTCTGGCACCCAGACAGCACTCTTC  
ATGCTTTGGCTCATGCCCTCACAATCCCAGTCCATCGGGACGGCTACCAACACCTACAACCTGGTCGCGC  
CAACCCCGGTGCGGCCTCCACTGGCTATACATCTGGCATAACCACATTAACCAGCTCAAACCAGGTGGG  
CGTTCACATCCCGTCTAACACCAGCTACTTGTGACTGTCTGCATTGGTGATAATATTTCCACTGGCATT  
TACCAGAATGGCAGCCAGACCATGACTTTTTCCAAACCCCTTTGCGGTGGTTCGTCAACTATGCAGTTGATG  
TTTGTGGCTGTGGACCTCTTGGCTATGGTGCCCTGTTTATACTGGCCTGCCAATGAATGCCCCCTACGC  
TGGTGAGTGGCAGCGTGCCTCCGGGGCAAGGGTCGACCTTCGCACCGTTTCGCTTCAGAGATGACCCTGAC  
GGTGAGGAGGTTGAACCCGCTGATTACTGGAGTGGTGTGAAGAACCAGACTTCTTGACATCTGAGTCTG  
AGGAAGAGGGTGACAGTGGCTATAACCACGGGCAACAGCGAGGAAGAAGACTGGAAAGCAGCACTTGACGG  
CGATTACATCCGCCGTGACCAGCTCCCTCCATGGCTCGCACACCTCTGGGACTGGTTGTTTGGAGCATGAC  
ACGCCCCGATTCTGTTTCATCCACCATCAGATGAGGTTGACTGGGCATTTCAACTCACTTTGAGGATGTCAA  
CCTCCAAACACTTCGAGTTTAAGCATCCCTATGATGATTATCAATCCGAGTCTCGTGCCCGCGTGAATT  
AGCGTTGGGCGCGCAATTTGACCCGGAGACTGCAGCCCATAGGGCTATGCGGGCATGCCCCACCCAGCT  
TACTCCGCCATTGTTAGTCGCTTTGATTACAATAGAGCGGAGCGGGTATGTCTAATCTCGAAGCTAAAA  
AAGAAGCTGCAGCCTACGCTTTATTGCGTTTTTCTCGCTAGGGGCAATCATCCCCTAGCTTCTCTTTTCT  
CTTTCTTTCCCTTTGGGTGTTAATCATTTTTAAAATTTTACCATTGGGTTAATCAGGGAAAAAAAAAAAA  
AAA

> **Astrovirus genome in human. Num. access in GenBank : NC\_001943.1.**

CCAAGAGGGGGTGGTGATTGGCCTTTGGCTTATCAGTGTATAGATAACATTTCTCTGACCGTTTACCAC  
ACAATTAACAACAATATGGCATAACGGTGAGCCATACTATAGCTCTAAACCTGACAAAGATTTCAATTTTG  
GAAGCACAATGGCACGTAGGCAGATGACACCTACTATGGTAACAAAGCTTCCCAAATTTGTTAGGAATTC

TCCACAAGCTTATGATTGGATCGTAAGAGGTCTGATCTTTCCACCATTGGTAAAACCTATTTCCAACGA  
GTTGTTGTGATTACTGGTGGGCTTGAGGATGGAACATATGGCTCATTTCGCATTTGACGGTAAAGAGTGGG  
TAGGGATCTACCCAATAGAGCACTTAAATCTCATGTCTCTTTGAAACTGATACACAAAGCCAACGCTCT  
TCAGGAGAGACTGCGTCTCTCCAAGAAGAGAAAGCCACCCTCGCTCTGGATGTGCAATTCTTTCAACAT  
GAAAACGTGCGATTGAAGGAGATGATCCCAAAGCCAGAGCCACGGAAAATACAGATGAAGTGGATAATAA  
TGGGAGCAGTGCTTACATTCTTATCTCTGATACCTGGGGGTTATGCGCACAGCCAGACCAACAACACCAT  
ATTTACTGACATGATAGCTGCCTGCAAGTACTCAACTGAGACACTAACAGAAAATCTTGACCTTAGAATC  
AAGCTTGCCTAGCAAAACATAACCATTAGTGATAAGCTAGATGCTGTGAGGCCAAATTTCTTAACCTTTGCCT  
TTGTGCCCAGAGCCATTGGTTGAGAACTGTGTTCTATTATATCCATTACTATGAAATGTGGAATATTTTT  
TATGTTTGTCTTGCTATTGGCACTGTCATGAGGAGCGCCCGCCCTGGTACAGACTTGGTTACACTTGCA  
ACATCCCCTTGTCTGGTTTTAGGATGGCTGTCTACCCACAATTCCATTTTACACCCTATGACTTTGT  
GGGTTATGAACACACTTATGGTTTTGTTATTATTTTGACAACCTTGCTAGCAATAACATTGGCAATCTTAGC  
ACCAATTTCTTGGCATTATCTTCTTGTGCTTCATGGAAGACTCCAACCTATGTGAGCCAGATACGTGGCCTT  
ATTGCTACAGCAGTATTAATTGCTGGTGGGCATGCATGTTTGACACTCACAGGCACGACCACGTCATTGT  
TTGTTGTCATACTAACCTGTAGGTTTCATACGTATGGCAACTGTTTTTCATTGGCACCAGGTTTCGAGATCCG  
TGACGCTAATGGAAAGGTTGTGGCCACTGTACCAACTAGGATTAATAATGTTGCATTTGACTTTTTTTCAG  
AAGCTGAAGCAGTCAGGGGTGCGAGTTGGAGTCAACGAATTCGTTGTCATAAAAACCAGGTGCATTATGTG  
TTATAGACACCCCTGAAGGAAAAGGGACAGGTTTTCTTTTCTGGCAATGACATAGTAACAGCAGCACATGT  
TGTTGGCAATAATACTTTTTGTGAATGTGTGCTATGAGGGTTTGATGTATGAAGCGAAGGTGCGGTACATG  
CCCGAAAAGGATATAGCATTCTTAACTTGTCTCTGGTGCCTGCATCCAACAGCAAGATTAATAATATCAA  
AGAACCAGATTATAGTTGTGTACAGTTATGGCTTATGTGAATGAGGATCTTGTGGTTTTCAACCGCAGC  
AGCTATGGTGCATGGCAACACTCTTTCATATGCAGTTTCGCACCCAGGACGGGATGTCGGGTGCACCAGTC  
TGTGACAAATATGGTCGGGTGTTAGCAGTCCATCAAACAAACACTGGGTACACTGGAGGTGCTGTCATAA  
TAGACCCAGCAGACTTCCATCCAGTGAAAGCCCCATCTCAGGTGGAATTGCTCAAAGAGGAAATAGAGCG  
GCTAAAAGCTCAACTGAACTCTGCCACTGAGAACGCAACGACTGTAGTTACACAACAACCTAGTGCTGCA  
CTAGAACAGAAAAGTGTGAGCGATAGTGATGTAGTTGACCTTGTGCAACTGCAATGGAACGTGAGATGA  
AGGTGCTGCGTGATGAAATCAATGGAATACTTGCACCATTCTTACAAAAAAGAAAGGTAAGACCAAGCA  
TGGTAGGGGTAGAGTCAGGCGTAACCTTAGAAAAGGTGTGAAACTTCTTACCGAGGAAGAGTATCGAGAA  
CTCTTAGAGAAAGGTCTTGATCGTGAGACATTCTTGTATCTCATAGACCGCATTATTGGTGAGAGGTCTG  
GCTACCCTGACTATGATGATGAAGATTACTATGATGAAGATGATGATGGCTGGGGAATGGTTGGTGATGA  
TGTAATAATTTGATTATACTGAAGTAATTAACCTTTGACCAAGCAAAACCAATTCTTGCCCCGAGAACAACC  
AAGCAAAAAATTTGCCCGAACCAGAAGTGAATCACAACCACTTGATTTGTCCCAAAAGAAAGAAAAAC  
AATCAGAATATGAACAACAAGTGGTGAAGTCTACCAAGCCTCAACAATTAGAACATGAACAACAAGTGGT  
GAAGCCTATCAAGCCTCAGAAGAGTGAGCCTCAACCATACTCACAACTTACGGCAAGGCACCAATCTGG  
GAATCTTACGATTTTACTGACTGGGATGAGGATGATGCCAAGTTTTATTCTGCCAGCGCCACACCGGTTGACTA  
AGGCAGATGAAATAGTCTTGGATCCAAAATCGTCAAGCTTAGAACGATTATTGAAACAGCCATAAAGAC  
TCAGAATTATAGTGCATTACCTGAAGCAGTATTTGAGCTCGACAAAGCAGCTTATGAAGCAGGTTTTGGAA  
GGTTTTCTCCAAGGGTTAAATCGAAAAACAAGGCCCAAAAACTACAAAGGGCCCCAGAAGACCAAGG

GGCCCCAAACTACCACTCATTAGATGCATGGAAATTGTTGCTAGAGCCTCCGCGGGAGCGAAGGTGCGTG  
CCTGCGAATTTTTCCACTATTAGGCCATTTACCAATTAATAGACCCATCTTTGATGATAAGAAACCCAGGG  
ACGATCTCCTTGGCCTACTTCCAGAACCAACCTGGCATGCTTTTCGAGGAATACGGACCAACCACATGGGG  
CCCACAAGCTTTTATCAAATCTTTTGATAAAATTTTTTATGCAGAACCAATTGACTTTTTCTCAGAATAT  
CCACAGTTGTGTGCTTTCGCTGATTGGGCAACTTATCGCGAGTTTCGGTATCTAGAGGATACTAGAGTGA  
TACACATAACTGCAACTGAGAAAAACACTGATTCAACACCTGCTTATCCTAAAATGAATTATTTTGACAC  
TGAAGAAAATTACCTGGAAGCACATGGGTGGGCACCATATATTAGAGAATTCACTAGGGTCTACAAAGGA  
GACAAACCTGAAGTACTTTGGTACCTATTTCTTAAGAAAGAGATCATTAAAGGAGGAAAAAATTAGGAATT  
CTGATATCCGGCAGATAGTGTGTGCCGACCCCATTTACACCAGGATAGGGGCGTGCTTAGAAGCGCATCA  
GAATGCCTTAATGAAACAGCATACCGACACCTCAGTTGGTCAATGTGGGTGGTCACCAATGGAAGGCGGC  
TTTTAAAAAACCATGCAGCGCCTGGTAAATAAAGGGAATAAACACTTCATTGAGTTCGACTGGACCCGCT  
ATGATGGAACATAACCACCAGCACTCTTTAAACACATCAAAGAAATTAGGTGGAATTTTCATCAATAAAGA  
CCAACGTGAAAAGTACAGACATGTACATGAATGGTATGTTAACAACCTCCTTAATCGCCATGTACTTCTA  
CCATCTGGTGAAGTACCTTGCAGACGCGAGGTAATCCATCTGGTCAGTTTTCAACAACAATGGATAACA  
ACATGGTTAACTTTTTGGTTACAGGCTTTTGAGTTTGCTTATTTTAATGGACCAGACAGAGACCTTTGGAA  
GACCTATGACACTGTAGTTTATGGAGATGACAGGCTTTCTACAACACCTTCGGTGCCCGATGATTATGAG  
GAGAGAGTGATCACTATGTATAGAGACATCTTTGGCATGTGGGTAAAGCCTGGGAAGGTTATCTGTAGAG  
ACAGCATAGTTGGATTGTCTTTTTGTGGCTTCACTGTTAATGAAAACCTTGAGCCTGTGCCAACTTCTCC  
TGAAAAGTTAATGGCATCACTGTTAAAACCTTACAAAATATTACCTGATCTTGAATCACTCCATGGGAAA  
CTCCTATGCTATCAGTTGCTTGCTGCGTTCATGGCAGAGGACCACCCCTTTAAGGTGTATGTGGAGCACT  
GCCTCTCGCGGACTGCAAAGCAGCTTCGTGACTCTGGCCTTCCAGCCAGACTCACAGAAGAGCAACTCCA  
TCGCATTTGGAGGGGAGGACCAAAGAAGTGTGATGGCTAGCAAGTCCAACAAGCAAGTAACTGTTGAGGT  
CAGTAATAATGGCCGAGCAGGAGTAAATCAAGGGCCCGTTTACAATCTAGGGGCCGAGACAAATCAGTC  
AAGATCACAGTCAATTCAAGAAACAGAGCCAGGAGACAGCCCGGACGCGACAAACGTCAATCTTCTCAAC  
GTGTCCGTAACATTTGTCAATAAGCAACTCAGGAAACAGGGTGTACAGGACCAAAACCTGCAATATGTCA  
GAGAGCAACAGCAACCCTTGGGACAGTCGGGTCAAACACCAGTGGCACCCTGAGATTGAGGCGTGTATT  
CTCCTCAACCCTGTCTCGTTAAGGACGCTACTGGAAGCACTCAGTTTTGGCCCTGTGCAGGCGCTAGGTG  
CACAGTATTCCATGTGGAAGTTGAAGTATTTGAATGTCAAATTGACCTCTATGGTTGGTGCATCTGCTGT  
TAATGGTACTGTCTCAGGGGTCTCACTTAACCCCACTACCACGCCTACTTCTACTAGTTGGTCAGGATTA  
GGTGCACGTAAACATCTTGATGTTACGGTTGGTAAGAATGCAACATTTAAATTGAAACCTTCTGACCTTG  
GTGGACCTAGGGATGGCTGGTGGCTCACAAACACCAACGACAATGCATCTGACACCCTGGGACCCTCCAT  
TGAAATACACACACTCGGACGAACAATGTCCTCATACAAGAATGAGCAGTTCACAGGAGGGCTATTTTTG  
GTTGAACTTGCTTACAGAGTGGTGTTCACAGGTTATGCTGCCAACCCAAACCTTGTTAACTTGGTCAAGT  
CAACAGATAATCAAGTATCTGTGACATTTGAAGGAAGTGCAGGATCACCATTAATAATGAATGTGCCAGA  
GGGGAGCCATTTTGACGAACAGTTCTTGCACGCTCAACAACACCCACCCTCTAGCGCGTGCAGGAGAG  
AGAACCACCTCAGACACAGTATGGCAGGTGCTCAATACAGCTGTATCTGCTGCTGAGCTTGTACGCCTC  
CTCCATTCAATTGGTTAGTTAAAGGAGGTTGGTGGTTTTGTGAAACTCATTGCCGGGAGAACCAGAACTGG  
CTCTCGTAGCTTTTATGTGTATCCCAGCTACCAAGATGCTTTGTCCAACAAGCCAGCACTCTGCACCGGC

AGCACTCCAGGAGGCATGAGGACGCGGAATCCTGTGACAACCACCCTACAATTCACACAGATGAACCAAC  
CTAGTCTAGGGCACGGTGAAGCACCAGCTGCGTTTGGTAGATCCATTCCAGCACCTGGTGAGGAGTTTAA  
AGTCGTCTCACGTTTGGAGCCCCAATGAGCCCTAATGCAAATAACAAACAGACTTGGGTAAATAAACCT  
CTTGATGCGCCTTCAGGCCATTACAATGTGAAGATTGCAAAGGATGTTGACCACTATCTAACCATGCAGG  
GTTTCACTTCTATAGCTTCTGTTGACTGGTACACCATAGATTTTCAACCATCTGAGGCCCTGCCCAAT  
ACAAGGCCTGCAGGTACTTGTGAACAGCTCGAAAAAAGCTGATGTGTATGCCATCAAACAATTTGTTACA  
GCGCAGACCAACAACAAGCACCAGGTTACAAGCCTGTTCTAGTAAAAGTGACAACCTGGTTTTCAGGTGA  
ACAACCTACCTGAGTTACTTTTACAGGGCGTCTGCCACTGGGGATGCCACAACCTAACCTGTTGGTTAGAGG  
AGACACATACACAGCAGGGATAAGTTTTTACCCAGGGTGGATGGTATTTGTTGACAAATACATCTATTGTT  
GATGGGGCTATGCCACCTGGTTGGGTCTGGAATAACGTGGAACCTTAAACTAACACAGCATATCACATGG  
ACAAAGGCTTGGTCCATTTAATAATGCCTTTGCCTGAGTCCACGCAAATGTGTTATGAGATGCTGACATC  
TATAACCACGCTCCAGGGCATCTGGTCATGGTTATGAGAGTGACAACACCGAATACTTGGATGCTCCAGAC  
TCTGCTGACCAGTTTAAAGAAGACATAGAGACAGATACAGACATTGAGAGTACAGAGGACGAAGACGAAG  
CGGACAGGTTTGACATCATAGACACTTCTGATGAAGAAGATGAAAATGAGACAGACCGTGTAACCCCTCCT  
CTCAACTCTCGTAAACCAAGGAATGACAATGACGCGTGCCACAAGGATAGCAAGGCGCGCATTCCCCACG  
CTTTCCGATAGGATCAAGCGTGGAGTATACATGGACCTGCTTGTCTCGGGGGCAAGCCAGGCAATGCAT  
GGTCCCATGCGTGTGAAGAAGCACGCAAAGCAGCAGGGGAAATCAATCCCTGCACATCTGGAAGCCGCGG  
CCACGCCGAGTAGGAACGAGGGTACAGCTTCTTTCTTTTCTGTCTCTGTTTAGATTATTTAATCACCAT  
TTAAAATTGATTTAATCAGAAGC

> **Astrovirus genome in duck. Num. access in GenBank : KF753807.1.**

CCGAAGGTGGTTGTCTGGGGCGATGGCCCAGGCGGGCAGTGGAGCGTTCTCCACCTTGGACCAACGCAAGG  
AGCGCCAAGAAGAACAGGCGCAGGCTGGGCTGGACAAAGTTTTCCAGTTCCAGGGGGTTTTAGAGCTTTA  
TTCTCGCATGAAACTCCTATATGGTAGATTCCCAGCTTGGAGTGCCTTATGAAGTGAATGCCATATAC  
CTTAAAGATGTGAAAACAGCTATTGGCGTTGATGGAACCCGCTATGGGCTGTTCTTTGCCGACACCCCTA  
CTAATCCAACATGGTCTCCCGACATTGGAGCCAATCTTTTACTATTAATGAGAAAGCTTGTCTTGATGC  
TCAAAATGCCAAACATGAGCGTCTTCAATCGTCTTTAAAGACTACAAGCTCTCTGGTTCATCAGGTTATG  
GAAAAAACAAAAGAGGCCAGGACATATTTTGAAGAAGCTGATAAATTCAGAAAAAGATTGACAATCTCC  
ACGAGAGCAATAGGCTTTTACATCGCAAAATTCAGAGAAGCACAAGGACACCCTCCAGAACATGATGGT  
CAAATTGTATGACACGCAAAAAGATAGAGATGCCTGGGTGAGAAGATGCGCGTACTTTGAGGAAGAAAAT  
CTCAATTTGCGCAGGAAACTCAAAGAAAAGGAAAATTTCTTGGATCTCATTACCTGGGATGCAATCGGCT  
GGATTGTGATTGCCATTCTAGTCTTTGGCATGATAACCCTGGCTGATGCTAACAACCAGACACCAACAAC  
AACCTTTTCGATTACACCTAAACAGGCTGAATTTATGACAAATGAAGAGCTTCTTTTTCGCGGTCAAGAAA  
TTTAGACTAACAGCTGTGAGGAACCCAAAAAAGGATGTGTCATGTACAATGCCTATTTTACACTAAAG  
AAATGTCTTCTTGGAGGTTTTGTCAATTGTGTGAGAAACCAAATGGCTTCCATCCAGGTCTTTAATGA  
AACACGACTACAAAAGAGTGTGAGAAATTTTTTGGGAAGTTTTGGTGCCACAACAAATTTGGTTGACCTG

ATACCTTATGAATGTCAAGAAGAACATGTGTTGAAGTTAGTACAAAATCAGATTAGTGAATTTTCGCACCA  
TAGTTTGTGAAGGCCATCAACAACCTGTTTGGAGTATAGACTAGACATTTGGATTACATCTCTCTTTAGTCT  
TGTTTTAGCAGGAAAAAAGGATAGGCTTATCAAAATGTTTCCCTTTATAGCCTTATCCTGGTTTTTTAGG  
TTGCCAATCTTTTTGGTGTGTGTTGCTGTCAACCTCTTCCGCTAACATCTTTGCCTTTTGTAGCAGTGC  
AGCTTATTTTTTCACAATATATCATGATAAATGCATTCTTGATGTGGATTGTATTAACCTTGGTTGCTTT  
TTATTGGAATGAAGGACCTAAGATTTTAGTTGAAATAAGTTTTGCGCTCTTATATACAGTGGGATTCATT  
GGATGGTCCATTGCAATAATGGTGGGTACACAACCTAAATATCTCTCTAGTGTACCAGATATTGTTCTTTT  
GTATTATAACTACTACTGTATGTGGCACAATAATTCGCATGTTCAACTATAACGGTCCAGAACCCGGATGG  
CACAACAACGAAATACACTCGATTTGGAAAAATGAAGACAACAGTTGCTAACAGTGTAAGAGGGTATTG  
ACGGTTTTACAGACCAGAGGAGTTATACCATCGACACCAACAAAAACAGCCTCAATAGTCATCGTTGAAG  
GGAAGAGTGGAGCCGGTGTGGTTTTCGCTTCATGAATTATATTTTTGACAGCGGAACATGTTGTACAAGG  
CTCGGACATAGCCACTATCAAAATATGGGACAATTACTGTTAAATCGAAAGTAATAAAAACTATAACCCATT  
TTTGAATGTGTAGACAATGTTGCTGTCAATTAAGCTTCCTAGTGAGTTGAATGGAGTAAAACCAATAAAGC  
TGGCAAAAAAGATACAAAGTGAATCTTACTCTTACAGCTTTTCGATCCAAACTTTTCAGCACACTGTGAC  
ATATACAGGTTGGTGTATAAATTGATGGCAATTGGCTCAATAATTCTTTTTGACACCAAGTTTGGGAATAGT  
GGGGACCATATTGTGACTGTGATGGCAGATTGGTAGGAATGCATCTGGGAACACAAGGGTACTGTAC  
AAGGTGTTGTAATTGCAGGTGCATTGCGTTCTGCTTTTCAGATAGTAGAGCAATCAACCCCCAGGGTTT  
TGACATGGAAGAGTTTATGGAGAGAGTCATTGCAGGGACTAAAACATCACATGTTGCTATCTTAAAAGAA  
CTTGAAGAGCTAAGAGAAGAGATTCAATTTTTGAAAAACGATGTGGTGATTATGATGAGTACTGGCTTA  
TGCAAGCAATTTTTGGCCAGAAAAAAGGAAAAACAAGAAAAACAATAAGAGGACAAAAACATCTCGTGAC  
GAAGCGAGCATTGAGTAAAGGACATTTTATGAAAATGAGGATGCTAACCGACGAGGAGTATAATAATATG  
ATTGAGAAAGGATTCAGTGCAGAGGAAATTAGAGAAGCGGTGAACGCCCTAAGGGAACAAGCCTGGCTCA  
ATTATTGTATAGACAATGACATCGATGAAGAAGGTGAAGAAGAATGGTATGATGACCTCGCTGAGACAGA  
GAGGATAAACAGAGAAATTGATGAAGCAGTGGAGAGAGCCATGGAAGACCGTGGCGAGTACTATGAACAA  
AAAAACGGCTCACCTTTGTTGAACAGGCGATGATGCACCTCATTAAAATTAGCAAGGAGCGTAGCCAAA  
CAGCAAAATTAGAAGTCCAACAAGAAAATGGAGCTCAGTTGGTCAAGATGTTTGAAGAGGTGCTCACAGA  
TCGAGATGTTCCGTAAGGCCACCACCTCTGTTGCAGTTCTTTCAAATGGCGAAGATGTCCGTTTGTAGAG  
AATAAGGACATCAATTTTTGAAAAAGTTAAAAACATTCAGTTGACAATGAAATAAAGAAAGAAACTATCC  
CTGGAACAAAAGTTACTGAAATCTCAACAGGACCCGAGAATAAGAAGAATATATTAAGAAGAAGGACAC  
TCACATGCTTGAGGAAAAGAAAAATGATGTCCAGCAGGAGAAACCAGTTATCCTTGAGCAGCGCAAGCCA  
AGAGCTTGCAAGTGGTGCAGTTCCACACAAAAACATGACTACCGTGATTGCAGGATGCAGAGAGAAAAAC  
GCTTTTGTGTGTTTTGTGCAACAATGCATTCGATGTTTGTGATGGACATGTGAGACCTGTTGAATGCAATAA  
CTGCAAGAAAACGTTCCAGGGGATTGAAAAGCTTGAAGACCATGTTATCAGAGGTGAATGTCAAAAAAAC  
TAACTGAGGGGCCTGTAACAACAAGGCCCTACCCCTGTACCAGATTGGCTTAAAATATTTGCATGGGA  
GGAGGATATCCTACCACCCGAGAATAAAATTGCTTTACCCGACAACGTTGATTTAATTGGACATATCCCT  
GTCGACAAATTAGTCTCACGCACAAAGAAAGTGCACGATCCACTCTTGGGCTTGGTAACACCTTGGAAAC  
AGGAAACATATGATTCAACAACCTGGACAGTTAGAGCGTATACTAAGATGTTTGAAGAAATTTCACTATCA

TGACCCCTTGTAATTTTGTGTAACAGTATGCTGAGTTTGTATTGCTCTGTGATAACATCGTATTGCGTGAG  
CACGATTATATGGCAAATAGTAATATAACTCCAATCATGGCAACAGAAAAAATGTAGAGAGCACACCAG  
CTTACCCTAAATTTCAAGCTTTTGGACAGTGAAGAAGAATACTTGTTCAGAGTGTGGGTGGGGTGAGTATTT  
GGAAGTGGTGTCAAATCCTGACACAGTAAAAACACAGGCCCTCTGGTGGTGTCTTCTCAAAAATGAGGTT  
TTAAAAAAACAAAGATTGCCGATAATGATATCAGGATGATATTATGTACAGATCCTGTATTCACAAGGA  
TTGGAGCAATGTTTGAACAAGATCAGAATAATCGTATGAAACAAAACACAGAACGCAGAGCAGCCCAGGT  
TGGTTGGACACCCTTCTTTGGTGGACTTGACAAGCGCATCCGTAGGCTTGAAGGAGATGGTGACCGCTAC  
TTCGTAGAAATGGATTGGACCAGATATGATGGTACCATCCCGAAGCCTTTATTTTGGAGAATAAGGCCAAA  
TGCGGTTTTTCTTCTGCACGACAGTTATAAGACAGATAAGATGAAATCATTGTATGACTGGTATGTTAA  
AACTTGTGGAAAAGGTCATTTTGTCTACCAACAGGAGAAGTTTGTCAAGTGAAGAAAGGAAATCCTAGT  
GGTCAGTTTTCAACAACAGTTGATAATAACATGATAAATGTTTGGTTAACAGCCTTTGAGATTTCTTTTC  
TCTTTTTCCACCAAAAAGGGAGGTTACCAACAGAGAGTGAATTAGAAGAGAATTGCTCTATGATCTGCTA  
TGGCGATGACAGGTTACTCTCTATAAGGAAAACTTTGTGGATTATAACATCGATACTGTTGTGAACATG  
TATAGGGAAGTCTTTGGAATGTGGGTGAAGAAAGAGAATGTTAAAGTGCAGGATTCACCAGTCGGTCTAT  
CTTTTTGTGGTATGACCATAATAAAATCAAAGACTGGTTCATATGTTGGTGTACCCAATGTCAACAAGAT  
ACTTCTACACTTGAAAACCCAGTTTCGACACTCCCAGATATTGAGTCCTTATGGGGAAAATTTGGTTTCC  
CTCAGAATTTTGTGTGAAAATGCTCCCGACAATGTTAGAGACTTCTTGGATGAACAGATCAACAATGTGCG  
AGGAGTACGCCGCTGTGAAAAATCACACTTCCAGAAGTCGGGCCCGACTTCTATTCCAGGATATGGTG  
AGTGGAGGACCGAAATATGGTGGCGGCGATGGCCGACAAGGTCGTTGTCAAGAAGACAACAACAGTGAGG  
AAACCAAGAGGTAGGAGTAGATCCCGAAGTCGTAGTCGCAGTAGATCTAGGAGTAGGACTCGGAAAACCTG  
TCAGGATCATGCAGCCAAAACCCAAGTCAATTATGAAGAAAGTGTCCAGAGAGTCAAAGAAAATTTAAACA  
ACTGGAAAAAGGACATCTGGTCCAAAGATAAATGACACTTTCCAAACAACAGTAACAATTTGGAAGAATT  
AATGGGAACCCACAGATAGTTTGGAGAGACAACATAAAGTCTTCTGAATCCAACACTGCTTAAAAATC  
AGGATAGTGGTTCTAGTGCATCACCGCTCTCAACCAGGGCCTCACAAATATGGTCTTTGGAGGATACAGCA  
GTGCCAATTAACATTGACACCCCTGTGTGGTGCAGCGAATGTGGTTGGTTCTGTGATTTTTCTTGATCTT  
GAACAAGAAAGTGAACCGCTAGTGTGAGTCACCAGATACAATAAAAGCTAGACCACACTTGGAAATCC  
CAATCGGTCTTAAGACCACCTGGAAAATTCCTTCAAACAGTTGGTTGGTCCCAGAATGGGCTGGTGGAA  
TATGGATACTGGTGTGATCCAACAATGCATTAGGACCTGCCATAAACTTATGGTGTACCTTAAAACC  
GTCTTGGCATTACAGCAGACATCATCACAACCAGTCCCATATTCCGGAGGTCTCTACATAGTGGAGGCTA  
GGGTTTCGTATCAATTCTCAAACACTACAGCCCTAAACCAAACCTTAGCGTTAATGCGCAATCAAAGAATCCA  
GCCGACTCCAGATGGTGTAAAGATTAAAAATGACACTGATGGTTCTGTTATATTGGAAGTGACCGACTCA  
CAAGTCAGAAGTGTGCTTGAAGTTGATGCACCCCCCAGGAATTTCCAATCAAAGGGAGCGGGTGACACAT  
TCTGGTTCAGTCTCAACTGCAGTTGTGGATCTGGTTGCAGGAGCTGTACCAGGCTGGGGGTGGTTGCTTAA  
AGGAGGCTGGTGGGTTATAAGGAGAATCTTTGGCCAAGCGGGTTCAAACCAAACCATCTCAAAATATGCA  
ATCTACGCCTCCGTTGAAGATGCAGCAAAAGACCAAAAAATCTTTGCAACAGTCACAGAGAGGTCTGTGG  
ATGCAGCCCCGCTGCAGCTGACACAGCTTAATCAACCTAATGTGAACCAAAATTCAAACCTCTCTTATGC  
TGCAGCGCCACCACAACCAGAACAATTGGATTATTTACCAGTGAAGTGCACCTTTTTCAAACCTGCCT  
ATTTTTTATGAGGAACCTGCAAGACCAGTGTGCGGTGATTGGCAGAGTAATCAACTTTTTCTTGTGGG

AGCCCTTTGCATCATTATTTCAACTACGATGTCAATAATGGGCACGACAACAACAAGAACAACAGCGCA  
CAATCGATGGCTCTGCCTTGATTACACAGATAGTGGAGTTTTCTTTCAATCCCGCCAATGGGCACAGGGA  
GTCACCCAAACGGCAAGAAACCTATTGCAGCTGCTTAAAACCTGAGGTGCCAGCACCTTTTACGACGGTGG  
GGAATGATTTTACGTATCCGTCAAATCAGATACAACCTCAGCCAAAATGATGTCAAATCATGATGGTTCC  
TTCCACCATGATAAACGCACCGTCGGTTTTAGGAACAACGGCACAGAGTGACCATTTTGTCTGGTTGTTC  
TTTAAATTGCAGGAAGAAAAGGTGGTACTTTACTCAGCTGCAAATTC AACACCAGCAACACCTGATAATG  
TGCCACAAGTCTGGATT CAGAAAACCATTTACCCGGATACATGGGTTCCACAGCGTGGCAGGCTGGAAT  
ATTATATAATAGGCCAGCAACAAGTGAGCCTGATTGTGCAGACTCTGAAGAGGAAGATGATGACATCTCA  
GAGCTCTCCTCACTCTTTGAACAAAATGCACCTTGAGGACGAGCCCGACTTCAAATGAAGTTTGAAGTCC  
AAAACCTCAAGCATGTGGAGGAGGAGATGAAATACTGGAAACACCAGTGTGAGAGGTTGATGTTGGAGAA  
GGCCTTGACTGGCACCAGCAAACCTCTCGTCCGGTTTTGAAAAGTCCGGACAATGGGTTGATACACCTTCA  
ACCAGCAGTGGAGGCCACGCCGAGTAGGATCGAGGGTACAACCTGCAACTTTTCAGTGGGTTTTTCCGTG  
ATCAGGATTTTTCCACGTTTAAAGATTTTATTTAGGAGTTAAGCCCCCTGAGACAAATCAAGTCCAGGTC  
CAACAGTGAGGCAAGGCTGCTAGGCAATCATCCTATCAGCACACCCACTGGGGCGCTTTAAAACCTTAAG  
TTTTAAAGCAATTGATTTCTTTTGATTCAATTAGCATTT

> **Astrovirus genome in turkey. Num. access in GenBank : EU143848.1.**

CCGAAAGTGTGTGTCGGGGCGATGGCCCAGGCGGGTTCGCAGTGGCGATGCTTTTGCATCCCTTGATCAACG  
GCGGGAGCGCCAAGAAGAACAGGCGCAGTCCGGCCTTGACAAGGTGTTCTACTTTCCAAGGCGTGGTTGAA  
CTATTCAACCGTATGAAAATCGCCTATGGAAGGACACCGGCTTGGACGGCCCTCATGAAGTGTAACGCCA  
TATACTTGAAAGATTTTAAAACAGCAGTTGGCGTTGAGGGTACCCGCTATGGGCTCTTTTTTCGAGAAGA  
AGTGACTAAACCAACTTGGTCACCCGACATTGGAGCAAACCTTGATAACTTTGGGCGAAAAGGCCTGTTTA  
GACGCCAAAATGCAAAATATGAAAGATTGCAAGCCTCACTTAAAACAACCTAGTGGCCTTGTGCATCAAG  
TGATGGAAAAAACTAGGGAAGCTAAAGAGAACCTAGAGAAAGCCAATAAGATCCAAGAGCAACTTGACAA  
GGTCATTGAGAGCAACAAAGCTTTACACCGTAAGATACAGGAGAGAAAACCGAGAAAAGATGCAGGAATAC  
ATGGTAAGGTTGCATAACACGCAGAAAGATCGTGATGATTGGGTT CAGAGATGCTCCAGGTTAGAACAGG  
AGAATGTCACATTGCAGAAAAGGTTGAAGGAGAAAGAGAACGCGCTGGTATCTGTTGGGTGGGATCTTTT  
AGGCTGGATAGTTATTTT CAGTGCTTGTATTTCGGCCTGATTTCACTCGCAGACGCGCAAAACTTGACTCCA  
CCAGCCAAGATTGTGATAACTCCAGGGCAAGCAGAGTTCATGGACCTAGCTAAATTGGAAAAAATCCAGG  
TCAGAAAGTACCGACTGGATAGTTGTGAATTACCACCTGAGAAAGGTTGCGTGTTGTACAAGGATTACCT  
TACCACCAGGCCGGTAAGCTTTTTTGGAGTTGATGGCCAAATGTTCAAACCTGACTGGGTCTCGGAGAGC  
AGTTACAATGAAACAACCCTAATGGAAGAATGCATCCAGATCTTTGGTGCAGAGTGGTGTGAAGGGAAGC  
TCGTTGATCTTGTACCAAGAAAGTGTGGCGAGCAACATGTCTTAGTTAACATCATAGAGCAAATTGAAAA  
AACCAGAGAAGTTGTGACCCTTATATATGGTAAGGTGATGTCATACAGGCTAGATATGTGGATAACATCT  
ATTTTTAGTTT TAGTTTTGGCAGGTAATAAGGAAAAATGTTTTAAAATGGCTCCCTTCATTTTTGTAGCAT  
GGTTTTTAAACATAACCAGTGTTTTTAACTTGTGTGGCAGTCAACATTTTTCCAGTTGTTTTCCCTGCCTTT  
CATTTTTGTTCCAGATTTTTTATGCCACAGTTTGTTTTTGGTAAATGCCTTTCTTCTATGGTTAACACTCACT



TTAACAGCATTTTATTGGAGTGAGGGGCCAAAATACTGATGGAGATAAGTTATGCCCTTGTGTATACCA  
TCGGCTTTGTTTTATGGTCCCTTGGACTAGCTGTGGGGGTGACGCTCAAATTGACAATGGTACATCAGAT  
ATTAATGTTTTGTGTTGTTGCCGCAGCTATTTGCGGAACCAAGTTTGCATGCACAACAATAACAGTGCAA  
CACCCAGATGGAACAACCGCAAAAATACACCCGGGTGGTAAGCTAAAGAATAATGTTGTGAACCAGTGCA  
AAAAGGTAGTCACGACATTGCAGACAAGAGGCGTTATACCAGCAACGCCTGCGAAAACAGCATCTATTGT  
TATTGTTGAGGGCAAAAATGGAACAGGTGTTGGGTTTCAGGTTTATGAATTATATTCTTACAGCAGAACAC  
GTGGTTCAGGGATCAGATATAGCAACACTTAAAAATGGCAGTGTTAGTGTGAAATCCAAAGTCATCAAAA  
CGATCCCAATATTTGAGAGTGTTGACAATGTTGCAGTGTTAAAAATTGCCACCTGAGCTCAATAGCGTGAA  
GCCTATCAAATTAGCAAAGAAGGTTCAAAGTGACTATCTGACACTGACAGCCTATGATCCAAATTTTCAA  
CATGCCGCCACTTTTACCGGGTGGTGTATTATAGATGGAAATTGGCTTAATAACTCCTTTGATACAAAAT  
TTGGGAATAGTGGTGCACCTTATTGTGATCATGATGGTAGGCTAGTTGGTATCCACCTAGGCACACAGGG  
TGTTCTTTCCCAAGGCATAGTCATTGTAGACGCATTGAAAAATACATTCCAGCTTGCGGATCAGTGTAGA  
CCACAGAATTTTGACATGGATGAGTTCCTTGAGAAAGTTATAGCAGGAACAAAAGTGTACATGCAGCGA  
TCCTAAAAGAACTGGAAGAAGTTAGAGAAGAGGTGCAATTTTTAAAGAAAAAATGTGTACCTATGATGA  
CTACTGGCTATGCCAAACCATCTTTGGGCAGGCCAAAGGGAAGACGAAGAAAAACAGTCAGAGGCCGTA  
CACCTTGTTACCAAAGAGCTCTTGGGAAAGGCCACTTCATGAAGATGAGGATGCTCACTGATGAAGAAT  
ATCAGAATATGATTGAAAAGGGCTTCTCAGCAGAGGAAATAAGGGAGGCAGTCAACGCACTCCGAGAACA  
AGCATGGCTTAATTATTGTATTGATAATGATGTTGATGACGAAGGTGAGGAAGATTGGTATGATGACATG  
GTAGAGACAGATAGAGTTAACCAGGAGATCGATGAGGCCATAGAGCGGGCCATGGAAGATCGTGGTGAGT  
TCTACCAGAAGAAATCCCGCCTTACCTTTGTTGAACAGGCCATGATGCATTTGATTCAAGTGAGCAAGGA  
GAGAAGCCAGACTGCTAAACTAGAAGTTCAAAGGAGAATGAAGCCCAACTAGTGAAGATGTTTGAGCGG  
TGTGTACAGATGAGAATACACCTGAGGGTACCACCTCTATAGCGGCTTTGTCCACAGAAGATGATGTTA  
GGCTTGTTGAAGGGAAAGTCATTGATTTACCAAAGCAAAGAACATCCAGTTGACGGGGAAATTAGGAG  
AGAGATCATCCCTGGAACAAAATGTAAGTACTGAGATTTCCACTGGACCTGAAAATAAGAAGAACATATTGAAG  
AAAAAGGATACACACATAGCTGAGGGTAAAGTTGAAACTAAGTCATCACAGCAGCCGGTTGACGTCAAGG  
ATGATAAACCCGTAGCCTTGGAACAACGTAAGCCTAGAGCTTGTAATGGTGCAGTTTATCACAGAAACA  
TGATTACCGGGAATGTCGGTTTTCAACGTGAAAAACGCTTTTGTGTGATTGTGCAGCTATGCACTCAATG  
TTTGAGGGCCATATAAGACCAATAGAGTGCAGTGTGCAAGAAAAGTTTTTTCAGGAATTGAGAAGTTAG  
AAGATCATGTGGTCAAGTGGAGAGTGTCAAAAAACTAATAGAGGGGCTGTGACAACAAAGGCCCTACC  
CCCGTACCAGATTGGCTTAAAATATTTGCATGGGAAGATGACATATTACCACCTGAAGGTA AAAACTGCCT  
TACCAGAAAATGTTACTCTAATTGGACATATACCAGTTGATAAGTTGGTCTCGCGCACCAAGAAAGTCCA  
GGATCCATTATTAGGCCTTGTAACACCATGGAACAAGATATGTATGATTCAACAACATGGACTGTAAAG  
GCTTACACCAAAAATGTTTGAGAAAATTCATTACCACGACCCAGTTGACTTTGTGGAACAGTATGCTGAGT  
TTGTGCTGTTGTGTGACAATATGGTGTGAGAGAGCATGACTATATGGCAAATAGCAACATCACACCAAT  
CATGTCAACAGAGAAAAATGTCAATAGTACACCAGCATAACCAAAAATTCGAAGCCTATGACAGCGAAGCC  
GAGTATTTGGAAGATTGTGGGTGGCAAGAGTACCTGGATGTTGTGTCTGATCCAGAAACTATAAATCGTA  
GACCCCTATGGTGGTGCTTCCTCAAAAATGAAGTTCTCAAAGAGAGAAAATTGAGGACAGTGACATTCG

AATGATATTGTGCACCCGACCCGATTTTTACCAGGATTGGGGCTATGTTTGAGCAGGATCAGAACAACAGA  
ATGAAACAACAGACTGAAATAAGGTCTGCACAGGTTCGGATGGACCCCTTTTTTCGGCGGCTTGGATCGCA  
GGTTTCGCAGGTTGTATGGTGTATGGAGATAGGTATTTTTGTTGAGATGGACTGGACACGGTATGATGGGAC  
TATACAAAATCACTATTTTTGGAGAATTAGGCAAATCAGGTTCTTCTTCCATGATTCTCATAAGACT  
CCAAAGATGCGGCGCTTGTACAACTGGTATGTGAAAAATCTGTTGGAAAAAATTATTTTTATTGCCAACTG  
GAGAAGTTTGCCAGGTCAAGAAAGGAAATCCAAGTGGTCAGTTTTCAACAACCTGTGGATAATAATATGAT  
CAATGTCTGGCTAACAAACATTTGAGGTTTCATACCTATTTTTCAAACAGCGTGGTAGACTGCCAACAGAG  
AAAGAGCTGCAAGAGAAGTCTCCATGATATGCTACGGGGATGACAGACTTCTTTCCATCCGTAAAGGGT  
TTGTTGAGTACGAACCTGATACAGTCATTGATATGTACAAAAACATCTTTGGAATGTGGGTGAAAAGAAA  
CAACATCAAAATCCAAGATACACCTGAAGGGCTCTCTTTTTGTGGGCTTACAATAGTAAAATCAAGTACT  
GGTGCATATGTTGGTGTTCCTCAATGTGAACAAAATACTGTCAACTTTGGAAAAATCCAGTACGTAGGCTAC  
CAGATGTTGAGTCTCTTTGGGGTAAATTGGTTTCCCTGCGCATATTGTGTGAAAATGCTCCCAGCAATGT  
TAAACACTTTCTTGATGAGCAGATTAGCAATGTTGAGGAGTTCGCCCCAGAGAAAACATAACAACCTTCT  
GAGGTCGGGCCCCGACTTCTATTCCAGAATATGGTGAGAGGAGGACCGAAAGAAGATGGCGGCGATGGCCG  
ACAAGGTCGTTGTCAAGAAGACAACCTACAAGGCGCAGGGGCGAGGAGTAATTTCCCGCTCCCGTAGCAGGAG  
TAGGAGCAGGAGCAGAACTAAAAAGACAGTCAAAATTTATTGAGAAAAAGCCAGAAAAATCCATCCTAAAG  
AAAATTGATCAGGCTGAAAGAAGAGATGCAAAACAGCTTAGGCGGATTCGTAAGAAAAGTGCAGGGACCGC  
CAGTAAATTCCAGGATGACAACAGTAGTCACACTTGGTCAGATAACAGGCAATAAAGACAACACCCTAGA  
GCGGAAACACAAGTGCTTTCTGAATCCGCTGTTGATGAAGAGTCAGGAAACTGGTCAAACCTGCAACACCC  
TTATCTGTTAGGGCATCCCAATATAATCTGTGGAAGCTATCCAGACTCCATGTCAGACTTATACCCCCTG  
CAGGAAAAGCGAATATTTTTGGGGTCAGTGGTGTCTTAGATCTTGAACAGGAGGCAAACACAGCAGGACC  
AGAATCAGTAGATACCATCAAGGCAAGACCCCATGTTGAAGTTCCCATAGGGTCGAAAACCGTTTGGAAA  
GTGCACCCTAGAAGCGCTCTAGGACCTAGACAGGGGTGGTGGAAATGTTGACCCTGGTGACAGCCCAACTG  
ATTTCTTTGGGCCAGCACTCAACATGTGGACCTACCTGCAAACCTGTCAATGCACTCCAGAGCGCTGGGGG  
CACTCAAACGCCTTACACCAGTGCACCTTTTTCTTGTGGAGGTCTTGGTCACTTATGAGTTTTCAAACCTAT  
GGCCCAAAGCCTGCACTGTCTCAAATGGTATCAGACAGCTTTCCACCAGCCTCCGGTTCTACTGCAACCT  
TAAAAAACACCAGTGATGGGGCTGTAGCAATACAACCTCTCAGGCGCTATCGCCCCGAAAGATGGAGGAGGT  
TGAGCCCAAGGGTAGGCGCTCAAATGCGCAAACATCAGGTGTCGGTGAAGTGTCTGGGCAGTGTCCACT  
GAAGTAGTCAATACAGTAGCAGATGCCATAACCAGGCTGGGGCTGGCTCCTGAAAGGTGGCTGGTTTTGTCC  
TTAGGAAAATCTTTGGGGCCGCAAATGACCAGAATGGCACTTACTTGATATACTCTTCAGTGGCAGATGC  
ACAAGGTGACAACAGGATATAACACATCAGTGAACAGACACAGTTGACATCAAGCAGGATCAACCTCGTC  
CAACTCACCCAGCCCAATGTGAACCAAGCAGCAGTAGGTGGCAGTGTGGTGCGGCAAACCTCCATCTATT  
TGCCACTACCACAAGCAGATGACCAATACACACCCTACTTTGTCTATAATTTTTCAAGGGGAAAGGGTGTC  
AACCACCGAGACTGGGGTATTTTTGTCTGGCAGCCATAACCAGCTGCGACTACATCTAGTAGGTATAATAAT  
CAGATCACCACTCCATCAATTGGCTACAGGAATGCTAGTGGTACAGGAACATCATTCTACTAGATGCTG  
CATCATGGTGGAATATATTGGATGTAACCTCAGACTGGAGTGCTTTTTGGACAACCAAGATTGGGTGTTGG  
TGTCATGCAGACAATGAAGACTCTCAAACAGCATATCAAGGATTACACAGAGCCTGCAATACAGAAATAT  
TATCCTGGAACAACCTTATGATGAGCAGTTGAAGCAGAGATTGAACCTGGCAGAGGGTGACCCGGTCA

TCTCAATGGGGGACACAAACGGTAGGAGGGCTGCACTCTTTTATAGGACTAGTGATGAAAAATATATTTT  
ATTTTTCTCAACCACAGAAGATCCAGGGGCACAGTATCAAAATCTGAAAATGTTGTA CTTCTGGA ACTGG  
TCCTATTCTGACACAAAACAGCAATTTTTGGACCACCTTAGAACAGTG CAGTTTGCAAATTTGGATGACA  
GCCAGCCAGCCCCCTATGATAGTGATGATGATGACCTTTCTGATGTAACATCACTTTTTGAGCAGGCTGA  
TTTGGGGGATGAGACAGACTTCAAATTTAATATGTCCATCCAAACCTCCAAACATCTTGAGGAGGAGAAA  
AATTACTGGAAAAACCAGTGTGAGAGGATGATGATGGAGAAGGCCCTTTTCGGGCACCTCACAGCCTCTTG  
TCCGGTTTGAGAAAGCTGGACCTAGGGCAGACCAATCTTCTGCCAGTGGTCATTCTTGAATGGCCACACT  
TTCTCTGCGGTGGAAATGGAAATCACCATTCCACCTAAGATGATTAGCCGATCCAACGGAAATCACCCGT  
TGGGTGGTGC GCGGTTTACGCATCGGGAAATCAACCCGGTGTATTACCCGCACTTCCGGCTCAACAGTTT  
TTTTAAACTGATATAAATTTATGAAAATTTTATTAGCATTTTAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA  
AAAAA

> **Astrovirus genome in mink. Num. access in GenBank : NC\_004579.1**

CCGAAGTAGGTGTGTGTGTTGCCGTTATGGCTAACAACTACCAGCGCTCTTCACCCTCGTGGCTCTGG  
CCAGCGCTGTGTCTATGACACAGTGCTCCGGTTTGGGGACCCCGATGCACGTGCGAGGGGTTTCCAATTG  
GACGAGGTGTACATAATAAGTTGTGTGACATTTTTGACAGCGGCCCGCTCCACTTCGCTTTTGGTGATC  
TTAAAGTGATGAAGGTGGCGGGTGGTGTGGTCACACCCGATAAAACAGTTGTCAAACAGTCTATGTCTC  
AGGTGTTCAAGAGGGTAACGATTATGTCACTTTTGCCTTCACGCCTGGACCTAACGAGTGGCGCGAAGTT  
GATCCCCGCATCGACAAGCGCACAGCACTCGTCGGTGTCTTGTGCAAGAACATAAAAAATTGGACTCAG  
ACCTTAAGGAGTCGCGCCGTGAGTTGTCCCAGCTCAAGTTGGAGCACTCACTGTTGAGACATGACTATGA  
GCGCTTGGTCCGTGAAAAGCCTGGTCCTGCTATGAGAACTTTTAAATTCTCAGCTGTCATCTTTTATGCG  
TTTTTCCTTGGTTTCTGCTTATGTCTGCTGTCAAGGGTGAGGTGTATGGTCGCTGTCTTGACAGCGAGC  
TTAACCTCAATGGCAACCCTGAAGTGTGTTTGCATTGGGAAGAGGTTAAATCTTTTAGCCTCCAGGTTGC  
CCTTGCAGACTTCTGGAACATGACCTTGGACTATTACGCTACTGTGGCACCACAATCGCCACTTATGGAC  
CTTGCACACTGGGCTACTTCCCCTACTTTGCTAACTGGCACATGGCGGCTTTCCTTGTGGCACTGCACACG  
TTGTGGCGGCCGAACGGCCGCTCTATATGCTAGTGACACTTGTTTTAGCAACATTGTCAAGGTTCCA  
GGTAGCACTTGCCGCGTCCCAATGTTGGACATGCCGTCTCAATTGGTTTGTGGGTTACAATGGTCTTG  
TTTGCCATTGATCAGGCCTTTGCCATTTTAGCTTCAGTGCTAATCTCGGTACTTTTACTCATTCTGTGTC  
TTGCTATGAATGATGTTGATTATGGCGCGCTCCTACGCGGCTGTGTTACTCTGGTTAGCGCCACTGTCTT  
TTCACATCTTGTGAGTTTCTTGCACGCGCCAGGCTGGTTTACGATAATTGCCATCCTCATCTATCGTATA  
CCTAAAGTCCTTTCATATGTCAGTGCCGAGCGTGTGACATTAAGGGCCCTGATGGTAAGATTAAAGAGA  
CACAGAATGCCAACCCATCTTGGATCACCAAGATGAGTGGCCTGAAGAACTTCTTCCAGCGTGCTTTCCG  
ACAGAAGGTACGTACGGGGTAAACCCGACAACCCGATCATTCCCAACTCGTTGGTGGTGATTGATGCT  
AAGGATGGTAGGGGCACTGGCTTCCGGGTGAGAACTACCTTGTCACTGCTGGCCACGTTGTTGGCGCGG  
ACACTACTGTCCGTGTCCGCTGGGCTGATGTCACATCCTTCGCCCACGTGGTCTATCGTGTCCCGAATAA  
AGATATTGTGTTGCTGACTTTACCCGCTGAATATAACAGTTTACACTCCTACAAGCTTGCAAAAGAGGTT

GTTGATGGCACGGTTGTGGTTGTCTCCAATGGTGATGGGGGCGCCCTTTTCGGTTGGGATCTCTGAAGGTG  
 TCATTGTAGGTGAGAGTATGACCTACGCGATAAACACGGCCGATGGTATGAGTGGTTACCACTCACCAC  
 CACGGATGGCCGCTAATTGGCGTCCACCAACAAAACACCGGGTTTACCGGCGGGGCCGTGATTTTCCGT  
 GATACTGATTTCCCGCAACCGAAGAAGCCACAGCGTGAGGCAGACTTGGAGGCTAAGGTGGCTGAACTTG  
 AAAAAGCTCTGGCAGCCTATACCCAGTCCGCCACCGGCGAGGATATCGTCGGCTTGGTTTCGAGTTGCCAT  
 ACAGCGGGAGATGGAAGTCTCAGGAAAGAACTCAGCAATGAGTTTGGCCAGGCTAAGGGTAAGACCAA  
 CATAAGCGCCGCATCATGGCTGCCGCCCGCTCGGGTGGCAAGCGTAAGCCGGGCAAGGTCTGGACCGAGG  
 AAGAGTACAAGAAACTCCTCGAGGAAGGGTTACCCCGTGATCAGCTCAGGGAAATGGCAGAAGCAGCTAG  
 GGAAGCTGACGACGACTTTGATGACTATGAGGAAGAGAAGAATGAGGTTGACTACCCTGTGTGGTCTGAC  
 CATGATTCTGACGAGGAGATTGATCGTGACTGGTTCCGACAGAACCTTCCCACGTGGAGCTCCGCATGGT  
 CTGATTTTGTAGCCAGAGTTGGATCCTGATGTCACCAAGACGCTGCCCTGCCATCTTGAAGATAAGTTTTTC  
 CCTCAAACATTATATTATCACAGAGGCTGACTTAAAGCACTTTGGTCAGGAGATGAAGGAGTACATGGAT  
 CACCTTGATGCTGTTCATCAAAACCCACACGGAAAAAGGTAAGTGGTGCCCAAACACCAACTGAGGAAA  
 TCCTTAAGGACCTCAATGCTATGTGGTTTAAACTCAACCACACCATGTGGAAGAATGGGGTGGCTCCTTT  
 CATGCAGAGGAAGAAGCAGAAGCCAAAAAACGGGAAGAGGGCCCCGAAAGGGGCCCAATAAACCTGACG  
 AGATGCGGCTTGACCACTGGGAGAAAATGATGGCCCCGCTGACGCTGGTCGAGGCTGGTGCCTGACGA  
 CTATCCAGTGATCGGCAAATTGCCATAAATAGGCCATCTCCGACTGGGACGAGCCAGTCGATGACTTG  
 CTGAACCTTTTGGCCCCAGCACCTGATTCGTCAGCCTATGGCCCTGCGGTCTGGGGCCAGAAGCATATG  
 TCAAGTCTTTGAGAAGTTCACTTACGCGAAACCGCGAGACTCGATTAAGCGTGATTTCCACGTGAGTG  
 GAAGTTCGCTTGTCAAGTCTACGGCGTGAGTTTGTATTTCCCTCGAGGGCTCAGTTATCATGGACATCACT  
 GCAACATCTAAGAATGCAGATTCCACTTGTGCATACCCTAAGTGTAATTATTGGAAGACTGAAGCGGAAT  
 ACCTGTCTGAAAGAGGCTATCAGGATTATGTGAGTGAGTACAAGCGTATTCACGGCGGGGCTCGCCCCAA  
 GGTCTATGGCTCTTATTCTTAAGAAGGAGATCTTGAAGGTAAAAAAATTAATGATTCAGACATCCGC  
 CAGATTGTCTGTGCTGACCCAATCTTTGCCAGAATTGGCAATGCGTTCGAAGAACATCAGAACACTCTCA  
 TGAAACACCGCACCCGACACGCATGCCACAGTGTGGATGGACACCATTTTTTAATGGGTTTAAGCGTAG  
 GATTGAACGCCTTTTGTGCGTAAGAATAGTGTATTTCATTGAGTTTACTGGACACGCTACGATGGGACC  
 ATCCACGTGAGATCTTTGCGAAAATAAAGTCTTTTTCGCTTCTCGTGTCTAGCGGAGGAGTTTTCAGACAG  
 ATGCAAACAGGGCAATGTATCAGTGGTACTGTGACAGCCTGCTTGACAGATATGTCTTAATGCCAGTGG  
 TGAGGTCACCCGTCAGACCAAGGGCAACCCATCAGGTCAAATTTCAACAACCATGGACAACAATTTGTGC  
 AACGTGTTCTTCCAGGCATTTGAGTATGCCTATATCCATCCAGAGAAGAGCATTGAAGAGCTACGGGAGT  
 CGTGGGACAGGTGTGACTCGCTAATTTATGGTGTGACCGCTTGACAACATTCGACCACGTTCCCCCGGA  
 CTATGTGGACCGTGTGTCCATATGTATAAGGATGTTTTTGGCATGTGGGTTAAACCTGAAAAGGTTATC  
 GTGTCCGACACACCAGTCGGGCTTTCTTCTGTGGTTTTACAGTTGGACCAGATCTAATGCCAGTTCCAA  
 CAGACTGCGATAAGTTAGTTGCATCCTTAGTGACACCCACCAAGAAGCTTCAGGATATCGTTGCACTCTA  
 CTCTAAAGTCTGTGTTACAGAATTCTTGGGCACAATTTGTGATGAGCATGAGTTTAAGCGATACGTT  
 CGTGTGCGCTTGAGGTCTTAGCTAGGCACATCCGCAACTTGGGCGGCGAGGAGCCCGTCCATGTCACGG  
 AGCGACTGCTTGATAAACTTTGGAGGGGAGGACCAAAGTGAGCTATGGCGTCCGCAATCAGGCTGCCAA  
 GGCTGAGGCCAAGAAGGTTATTGAAAAAGTGGCCAAAGAGGTTATCAAGGAAACAAAAAACTCTGCGCAG

CGCAACCAAGGCCCGGGGAAGCGCTGGAACAGCAAGAAGGGCCGCATATGCCCAAGAACAACAACAACA  
AGGGGATGAAACGGACTGTGGATAATGAGGTCAAACAGAAACTCAAAAAGGAGGGATTAGAGGGTCCACG  
TTCACGTTTTTCTGTCCGTGTCTCTGCTACCATTGGTAAGATTGGCCCAAATAAAGAACAAGGCCCAGAG  
TTGCAGATTGCCACCTTTCTGCATCCATCCCTGATGAAAGAGCCAAATGATGGTACCAATTTTGGCCCGC  
TTCAAGCAGCCGACGCCAGTGGGGCTTGTGGCGCTTGTGAGCCTTGAGGTCAAATGCACTCCCTTAGT  
TGGGTCGAGTGTGTTACTGGTTCCATCTACAGGATGTCATTGAATTTGACACAATCCCCAGGAAATGCT  
TCTTGGGGAGGCCTTGGTGCCCGGAAACACAAGGACATTCCAGCGGGCAAGTCCGTTTTCTGGAAGCTCC  
AACGGGGCGACCTAGCTGGACCAAGGCAGACTTGGTGGATGACCGACACCAATGAAGAGGGCGGGCAGTC  
TTGCGGTCCGATGCTCGAGATCCATGGTCTCGGTAAGACGTCGTCGACCTACCAAAGTCAAGACTGGACT  
GGCGATCTTTTCATCGTTGAAGTCCTTGGACGTTGGGAGTTCACTAACTACAATGCTAAACCGGCACTTG  
GCACACTCGACCGCAAGTCAGAGGACTATGCCTCTGACGCAACCGGGCCTGGCATTATGGTGGGCGACGA  
CGGTGTCATGAAAATGACGCTGCCGACAGCTTCATCGCTTGCTAGGTTTCATGTCTGATGCATCAGAGCGG  
TCGCCGGTGAATGAGGGTTCCGTCGGTGAAACTATATGGCATATAGTTGATGAAGGCGCTGGACTTGCGT  
CCAGCGTCGCGCCGACCCATTCTCGTGGCTAATTAAGGGTGCTTGGTGGTTTTGTGAAAAAACTCGCAGG  
CCGAAGTGGGGCCAATGCTGATGAGCAGTATGTGGTGTATGCATCACTGGCTGATGCGCAGAACAACAAA  
CCGGTCATGGCCAATCGCTTTGACCACACTAAGAAGGCCACCACCTTACGGTCACGCAGGTGAACTCCC  
CCAATACTGGCCCGGGTGTACCCAAGCTGCATACCACACAGAGAATCCTTTTCCGCTTGTGCCGGCTAC  
TCAGCCCCCCCCACCCCGCAGCATTGTGCTTGTGAATGCAACCGCACGACCCTTTGGCTATGTCAAATAC  
AACACTGGCGATTCCAATGTTAAGTCCCATGGCAAGTTTGATGGCACCCAATATCATTTACCCCTTAAGC  
GTGGTAGCACGGTGAGCTACGCGTCTGCTGCTTACATACTGACAGATGTTAGCATGTTGACCTATGAAGG  
AAATAGGGTGACGGGTGCTATGACCCTGGCTGGATGGAGCCTACAGGCATTACCGTCCACTATCGCAAT  
GAGTCATCTGCGTTCGGCCGGGTCTTGCCTATGAAATTGACCAGTGGGGTAGTACAAGTGACAACCACT  
TTACAATTGGGGTGTGGTTGGTCCAGACTATAAAAGACCTGCCTGCACATGACACCACAGTATGGCCCTA  
CATAACCACTCCCTTATGTCTCAGCAGGGAATTGCACAGCACCCCCAGTGCAGGTTGCCCTAGATAAAGCC  
TGTGTCCCCTACCTTACTAAGGTTGGGGTGACATCTCATCAACAATGTACAGTTCGTCAACCACAGGTTT  
GTAGTGGCACCTTTATGCTGGTCTATTTCGATTGGCACTAACACACCTGCAACGACGGCTGGCTTTACAAC  
AGGCCAGCCACTTGGCGAAGCAACTAACGCATCTGCGCTGCCTGAGGGGAAAATTTCAACATCTGGTTTTT  
TGGGAGCGGGCCCTTTCTGCTGTTGCACCCTATCAAGATTTTATTTTTCAGTTAAGTTCACTCTCCCGCAGG  
GGCCACACGCTGACCCTAGGGTGGACGCATTGCTGGATTTAATCCAGCAGAGGTTCAACCTCAAGCCCCT  
CGACGCCTCAGAATCAGAGGATGAAGACGAAGACTCTCCCAGTGGGAGTGAAGAGGAACCCCTGCGGAGAA  
GAGCCCACACCTCCTCAGCCTACACCTAGGCTAAAACCTGCCAAGGAGATGATGTATGAGGCTCTCCGTG  
ATTCCGACTGGACTCACGTTGATGCAGAGGCGCTGCTTGCGGCAATTTCTCCTCAAAGAACTGAACACTACC  
CGAGGCCACGCCGAGTTAGGATCGAGGGTACAGGTAGTGAGTAAGTTTTCAGATGATTTTTTAGACTTGTTAA  
GCTAATCATCATTTAAAATTAATAATTGGC

> **Astrovirus genome in bovine. Num. access in GenBank : NC\_02448.1**

CCAAAGAAAGTTTTGAAGTTGTTTGCCAGGTCTTTCTTTGTAGTCCAAGAATGGCTCTTTCATATTGCC  
CCAAAGGCACTCGTGTCTTGACACCTATGATTTCAGTCCTTCAGTTTGGTTCCAAACGTGCCCGGCAACG  
GGCCTTGCCCTGGATAAGGTTGCCAGGAATCACCTTGGTGATCTTTTCCCTGATGGTGGACCCCTTGCC  
TTTGGCTTTGGACCACTTGATATGATTGACCCACCGGCGATCAACCTAAACTACACAATATTGACTG  
TCTATGTGGCTGGTGTAGTTGCTGGGAACGAGTACATCGTTTTACCAGTTTATACTGGGTTGAATGAGTG  
GAGGGAAACTGATGCGACTATCCATAAGCCTACGGCTTTGGTGGGAACCCTAGTGCAAGAACATAAAAGG  
TTGTCTAAAGAAGTGCAAGACCTTAAGAGAGAGCTCTCCCAACAAAAAATGGACTTTGAAATCCTGAGGC  
ATGACTATGAGCGCGTGCGCCCTGTCTCCACTAGTCCGGCAACTAGGCCTTTTAACTCCTTACAGTTTT  
GCTTTATGCATTCTATTTGGTCTCCTAGCAGCTGGACTGGCATCGGGGCAACGCACAGGCACCTTGCTAC  
TCCTATGATGAGGCATCCCAATCTTGTATATTGGGAGTGGCATGAGGTGGCACAACCGGATTGGCCGA  
AGTTTCTCACAGACTATTTTAAAGATCATTGGCAAGTTTTGGTTGATTATTGTACAATGGATGTGATGGT  
TCAGCTTGCTGCTCTGGTCTACCAGTTGTTTAGTTGGTATGTCTGTGCAGGGGTTGTTGCAGTCATTTAT  
GCACTTAGGTCGGAGAACCCCATTTATATGCTTATCACCTTGATCATGGCCACATTGTCACATTACCAGA  
TGTTTGCATTGGCGGTGGTTCCAGCCTTGGACATCACTGCCACAATTTGCTATGGGCTGTCATGGCCGC  
ATATGCATTGGCGCAATCGTTTGTCTATTCTGCTTTTCCCTTTGCGCTCCTGGTTATGGCTGTACTAGCTGGT  
CTGTTTCTTAATGATGCAGAATATGCTATAATGGTGAAAGCACATTTTTATGTTTTCTGGCCACATGCA  
CATCACATGTTGTTGAGATCCTCCATTTGCCATTCTGGGCAGTTGCCTCTGTCTTGTACCTATCGGCT  
GTACCGCTCTCTTTCTTTTACCCTAGGTGAAAGGTATGAGGTGCGCTCGGCCGACGGGAAAATTCTTACC  
ACGGTCTCATCTCAGCCAAACTGGCTTGGGAGGGTTTCAAGATTTGCCCAATCCTTTAGGCCAAAGGATAC  
GGACTAGTGTGGCCCCACAGCACGAATAATACCAAATGCTCTAGTCACAGTTGAGTCAAAGGAAGGCTC  
TGGAAGTGGTTTTCCGTGTCCAAAGTCATTTGGTGCACAGCTGGTGCATGTGGTGGCAGGCGACGAACAGGTT  
AAGGTACCTGGGGCCATGTTGTTGTCTATGCCAAAGTTGTGTATAGACACCCAACCAAAGACTTGGCCT  
TCCTAACACTACCTGCTGAGTTGCAACAGCTGCCTGCCTACAAGTTTGCTAAGAATCCTGCTGACGGCCC  
TGTCGTTTTTGACCGCTTTGATGAAGCCTCACTCCTCCTGGTAGCAGTCACTGAAGCTGTCTTGGTGGAT  
AACCATTGGACTTATGCTGTTGCTACTCGTAACGGCATGTCTGGTGCGCCACTCACCAACGTGGATGGGA  
GGCTTCTAGGGGTTACCTTACCAACACTGGATTCACTGGTGGTGTCTATAGTTATAGTGCCCCGATGACCT  
GCCTGATACTAGGAAACCAACTGCACGTGAGCTTGAACCTGAGGCTAGGATTAAGGAGTTGGAAGCCAAA  
TCATGTGGCGATAAACCCCTCCTTCAGTCGAGAGTTGATGCAGATGCCGTTGTGAGTTGATACGTGTTG  
CCTTACAACGTGAGATGTCCATCCTCCGCAAGGAGATAGATGACTCACTTGCTGGCTACTCCAGAAGAA  
GAAAGGCAAGAAAAACAGGAAGAAGCGCGTGTGGACCGAGGAAGAGTATCGAGCTTTGCTCGAGAAAGGT  
TTTACACGCGACCAACTCAGGGAAATGGCTGATGCACTCCGTGAACAGACTCTCTACGGTGTGAGATG  
ATGATGAAGCTGAGGTTGAGGTTGGTTACCCTGAATGGTCAGATCCAGACCAGGATTCTGACATTGATGC  
TGAGTGGTTCCGGCTCCTATGAACAATCCTGGCGTTATATTGAGCCACAACAGTCTGAGGAACTTGTCAAT  
ACCCTACCATCACACCTTACTCTGAAGTATAGCTTGATAATTATCCTATTTCTAAAAGTGACATCCAAG  
CAGTTGCCAAGGAGATGAAACAATATGAAGAGAAGGTGTCCAGCCTAATCTCTGAAAGTGTGATGATTC  
GGGCAACTGGAAGAGGGATGTTGATGGTAAGAAAATTCTACAGGAGCTTGATGCGCTCTGGTTTGGTATA

AACCATACTCTGTGGGACCATGGTTTTGATGCCTTTCACGCAGAGGAGGAAGCGTGTTACCAAGCCAAAAA  
ACTCCAAAGGGGCCCGAGAAGAACCAGGGCCCCGCGAGAATGCACGCTAAGCTACTGGCAGACTTTGCTCGAG  
CCAACCGAGCCTTTTTTTGATACCTTCTGGGTATCCTGTTGTTGGCAAAGTTCCTCTGGATAGACCTATTT  
CAGATAGGGGCGAACCTATTGACGATCTCTTGTTCATTGCTGCCCAATTATGACGAGGATTTGACGGCTTT  
TTCACCGGCAACTTGGGGTCTGCAGCCTATGAAAAATCTTTTGAGAAGTTTACATATAAAGAGCCCACC  
CAGAATATTGCCATAAGTATCCACGTGAGTGGCGTTTTCGCTACTAGAGTCTTAGGCCGAGAATTGCGATT  
TCTTGGCTGACTCAGTAGTCAAAGACATAACTGCTGTTTTCTAAAAATTCTGAGTCCACTCCCGCCTATCC  
CAAAACCTTGTGGTGAAGACTGAAGCCGATTATTTGGCTGAAAGGGGCTATTCTGATTATATTTCTGAG  
TGAACCGCCTAGTTAATGATTCCAGTTATCGGCCAGACGTTCTCTGGTATCTCTTTCTTAAGAAGGAAA  
TCCTTAAGACAGATAAGATTCTGGATGATGATATAAGGCAAATCCTGTGTGCTGATCCTATCTTTGCACG  
CATAGGATGCTGCTTTGAGGAGGACCAAAACGACCGCATGAAGCGGCGTACACGTAAGTATGCCGCAA  
TGTGGTTGGTCTCCTTTCTTTGGTGGTTTTCCACGAGAGGGTATCTCGGCTCGCTGCTAAGGGTAACCCCC  
ATTGGGTAGAATTTGATTGGACCCGCTATGATGGCACCATTCCCTGAGGAGGTCTTTAGGCACATAAAGAA  
TTTTAGGTTTAATTCCTGGCCTCAAGGTTCAAGACCCAGAGTTGAGGTGGTCTATGAGTGGTATGTT  
GATAATATCATTCATAGAAAGGTCTGCCTGCCTACGGGGGAAGTTACTGAACAACATCGGGGGAATCCCT  
CTGGTCAAGTCTCGACAACAATGGACAATAACATGTTTAATGTCTTCTTCCAGGCCTTTGAATATGCCTA  
TTTGAGACCCACCTCACAGATGATGAGCTGTGCCAGCACTGGGACAAGTATGATTGCTTATATACGGG  
GACGACAGGTTGAACACCTGTCTTGACCTACCCTCTGATTACGTTTGTAGGGTTATTGACATGTATGCCA  
CCATTTTTTGGCATGTGGGTTAAGCCCGATAAGGTCAAGGTCTCCGCTGTCCACAAGGCTTATCTTTCTG  
TGGTTTTTACCATCACGCAGGATACACAAGGGTTTTATGTTCCAGTCCCTACTGAGACAAAGAAATTGGCC  
GCTGCTTTATTGAAACCAACTAAGAACTGGATGGAATTGCTTCACTCTATGGGAAACTCCTTTGCTATC  
GCATCCTGAGCCATAATTTGCCTAATGATAACAAGTTTAAAAATTATATACTCCTTGGCCTGGAGGTTTT  
GGCTCGTCACTTTGTGGCTAGGGGGGAGGAACCGCCTTCTACGTACCGAGGAGATGTTGGATAAGCTT  
TGGAGGGGAGGTCCAAAGCGTGATTATGGCTGAATCTGCTCCACATAAGAGTCAAAATGCTGCATCTGCC  
AAGCAGATTGCCAAGGAGGTTGTTAAACTTGAGAAGAAAACAAAGAACCAACAACAACAGGCCAGCGCA  
CGACCAAGCGCAAGAAGTGGGTTCCGCGTCGAAGTGGAAACCAGGCAAGTAAAGCGAGAGTTTCAAATAG  
AGTTAAAACAGAGCTCAAGAAGCAAGGCTTGAAGGTCCTAACCTAGGTTTAGGGTACTGTTTCTGCT  
ACTATTGGTAAGGTTGGTCTAACAAGTCCAGGGCCCTGAGCTACAGATAGCTACCTTCTTACATCCAA  
GCTTAATTAAGGAGCCTGGAGATGGCTCCAATTTTGGACCCCTCCAAGCCGCGCAGCGCAATATGGCCT  
GTGGCGCATAAAGTTTTCTAGAGGTCCGTTTTCACCCCTCTTGTGGCTCGTCAGCCGTTTTCCGGCTCTGTT  
ACTCGAGCTTCACTTAACTTAACCCAGGCGCCTGGAGCTACCTCTTGGGGTGGTCTTGGCGCACGGAAGC  
ACATTGATGTGCCAATAGGTGCTTCCAAGCACTGGAAGCTAAAAAGGGGTGATCTAACGGGACCTAGAAG  
TACATACTGGGTCACTAACACCAATGAGGAGGGGGGCAATCATGTGGCCCTATGCTTGGAGATGCATGGT  
CTGGGAAAAACTACCTCAACCTATAAGGATGCAGCCTGGGAAGGCGATCTCTTTATTGTTGAGATTCATG  
GTACCTGGGAATTCTCCAACCTACAATGCCAACCCGCTTTGGGTATGCTTACCAGCCTTTCCGATGATGT  
ACAGGTTGAAATTGGAGTTGATTCTGAGGGCCAAATAACCATGACTGTTCCAGAGAACTCTCCCATGGCC  
CGCCACATGGGAGAAAAGTATGAAAGGAGTTCTGCCTCAAATGCAACTTCTGTTGGGGAGACCATATGGC  
AGGTTGTTGATGAAGGCGCTGGATTGTTATCTGCAGTAGCGCCTCAACCTTTTGGCTGGCTTATTAAAGG

TGGCTGGTGGTTTTGTTAAGAAGATCCTTGGCCGTAGTGGCGCCAATGCTGGTTCCACTTACCTTGTGTAT  
CCTTCCCTTGCCGATGCACAGAATGGCAAGCCTGCTATTTCAACATCACGTGGGTTTTGCAAGGCAGGTTG  
TCCAAACCACCTTACGTCAACACAGATTAACGCCCAAATACCGGCCCGGGCGTTTTACAGCCAGCACT  
TGTCTCTTATGAGTTCTTTCCCTACTACCCTAGGGACGAACCCAGGTTGGCTTGCCTTTTTATTTGGCC  
TCATGTTATGAGCCTGGTCTCTCCAAAATTTCCATGCCTATTTGGGTTTATGGTTCTAGCTCAGCCTTTA  
ATGGCGCCCCTTTTGAGGTTTCAGGTCGGCTCCCAAGCTTACCAATCGCAGACTTATTCTTATTTGATTAA  
GCCTGCTGCTTTTTCCGCCGACATTCCCTTATGAGGCAACTTCAGATCCAGTTTCTTTGAACGGGTGGTAC  
ACGATAGATACCTTGCCCCCTATTGGGGAGTTCAGAGCCTCCTTTGCATATCCTATTAGCAAGCAGAAGT  
ATGGAGATGTTGTGGCGGCATCCAACCTCTTTGTTTTCTCCAACCTCATGCTGGTTCATTATTTGGTTAG  
GGTTACTCAAGATTTCCCCGCCCTTTCAGGGGATGAGTGGGGTAGTGGCGACACCATTGCTACTTCACA  
CCAATGCTTACAGCCTTGTCTGCCGCCACAGACCAAAGTAACCCTATCAATTTTTGTTCCCAACAGGATTG  
TTTTCCAACAACCTCCAGAAAAGCACTGTTGGTGTGCCAACCCCTGTTAGGGCCCCGTGTTGGTTCCTACAT  
CATTTCCACAGTTTTGGTGTAGGGGCACGGGTTTTTCTGCTGGTGTATTACAGGGTATGGCTTTTTGAAC  
CAGACTGGCTTTAATCTTGAGAGTGATATTATGCGCTCTGATTCCAATGGGGTGCTTTCCCTGATAACCC  
GTGTCAGCCCCCTACCTTGGGCTTGGCATAGTCAGGATGACCGTGGCGTTCCCCCAGTGATGAAGATGA  
TTTTGGTCGCCCGGTTGTGCAGCAACTTCAGACTCGCTACAGATTTGCCAGCGATTCTGGGTCCGACACC  
TCCGATGAGGAGTCCGATGAGTTTGAATGCCTGCGTAGCACTCCCTTGCAGCAAGTCTATGAGGGCGTGC  
GTGGTGTTCGCACCCACGCAGAAGCAGTTGCTGTAGTTCGTAAGCTTAAATCCCCGAGGCCACGCCGAGTA  
GGATCGAGGGTACAGGATTTTTGTTTACTTCAGTGATCATTAAATCAATAGATTGTTGATTTCTGCAATTC  
AAATTAATAAATTGGCAAAA

> **Astrovirus genome in feline. Num. access in GenBank : NC\_022249.1**

GGGCCAACTGGTTGAAGAGGTACCAAAGTATGTTCTACTACAACGACGCAGACCCGCGGCATCTGCTCTGG  
CAGTATGCGTGCGCGTGAGGAAATAACCCTCGCGTCGATAAGAACAATGCCTGGCTTCAATCCAGAGCTA  
CCACTTCATTTTTGAGTGGGAGGTGCAGGGGTTGGTCTTTCCAACCGCTGGGAGCAAGTACTTCAATCGTA  
TTATCATCGTAACTGGTGAGTGTGATGGCTCCATGCGTACCTTTGCAACCAACCCTGATGATGATTCCGA  
CTGGCGTGAAATACCGGCACGCGAAGCACCGCGCACCTTAAGTTACATCAGGCTCTGGAACAAGTGTGAC  
TCCACCACGAAACGACTACGGATTGCCCAACAGGAGAAAGCGACTCTGGCACTTGATAATCAGCTCATGC  
GTCACGAAATTGCTAGGTACCAGCAAGCCCAACAAACAGTCAATGTTTCGCACTGTTAACATGAAATATAT  
ACTAGTGGCTGCTGTCATGGTCTTCCCTCGCCCTCTTGCCCTAGTAGTGATGCACAAATCTACTTCCCTGAA  
AATAGGACCATCTTTACTGACATTCGGGAGGTGTGCCGACTGTGCACTGAAACCCTGAATGAAAACCTGA  
ACCTCAGGATTAAGATGGCTCTCTTCAATGTCTCGCTTTATGATCAGTACGAGGCGATCAAGAACATCTT  
GACAATGCAATTTGTTCCCTCAGGTTCACTGGCTCCGTGTTGTACTCGAAGCCCTTAGGTATTACCAAGTA  
TGGAACCTCTTTTCCGTGGCCCTCACGGTACTCACGCTCCTTAAGAGCAATAAAGTAGGCACAGACCTTA  
CAGTTATTGTGTTGGCCCACTTTTCAGGCTGGCGCATGGCTGTCTTACCTACCATAACCCTTTCAGACAAC



CTTGTCCCTTTGGGTTATGAATCTTGTAATGCTTTGCTTCTGCTTTGATAAGTTCTGCGCACTAACCATG  
GCAATTACCGCGCCCGTCCTTGGAGCAGTACTACTCTCCTTCATGGATGATGTCAACTTCCTTGGGCATA  
TGCGCGGGCTCCTAGTGACTTCCCTCTTGGCAGTTTTCTTGTACACCTTGCTTACATGCTCAATGGGAGCAC  
CACCACAATCTTCATCGTGATACTTGCCATCCGCACCCTACGCTTACTAACATCAACTGTTGGCTCTAAA  
CTAGAGCTCCGTGATGAAAATGGCAGGGTGGTCGCCACCTTGCCATCACGGGTCCGTGGAGCTGCATTTA  
ACTTCTTTTCAGAGGTTCAAGCAAGGTGTGCGCAGTAGCATCAATGAGTTCACAGTGATCAAACCAGATGC  
ATTGTGCATCATCGAAACACCTGAAGGCAAGGGAACCTGGCTTCTTCTGTGGCAATGATATCATAACAGCA  
GGACATGTTGTGACCAACCATAGGATTGTCAACGTATCCTATAAAGGCCTCAACTATGAGGCCAAGGTTTC  
GCTACACCCCAACAAAGGATGTGGCCTTCATCACATGCCCTGGAGACCTGCACCCACAGGCACGCTTCAA  
GTTAGCCAAGAACCAGACTATAGCCTTGTACAGTGACAGCCTTTGTCAATGAGGATGTCGTTGTTTCC  
ACCGCTAATGCTGTGGTGCATGGTGAAACGTTATCGTATGCCATGAAAACACAGGATGGTATGTCTGGAG  
CACCCGTCACCGATAGGTACGGACGTGTCGTGGGTTGCCATCAAACCAACACCCGGCTATACAGGTGGTGC  
TGTTATCATAACATCAAGATGATTTCCACCCTCATAAGCCACAGGGTCTTGAAGCCGAAGTTGAGAGGCTT  
AAGGCGGAACCTGAACTTGAGCGGAAGAAACATGCAACCATGAATCAATCTTTTAACCCAAATGAAATCG  
TTGATTTGGTTTCGGCTCGCCGTTGAGCGGAGATGCAAGTCTAAGAGACGAAATCAACAGGGAATTTGG  
CTTCAACCAAAAAAAGAAAGGTAAGACAAAGCATGGACGTTTACAGGACGTAGAACCAACCTCAGGAGAGGC  
GCTCGCATGCTAACCGAGGAGGAATACAACGAACTCCTGGAACGTGGCCTTGATCGTGAAACCCCTCCTAG  
ACCTCATTGACAAAATCATTGGGGAACGTGTCGGTTACCCTGAGTATGAGGAGGACGATGACTATGAATA  
TGAGCGCAATGAAGAAGAGCGTGAAGTAGACTATAATCTACGGATCGACTTCGACCAGAGGCGGAGAAG  
CAGGAGGATGTCAAACAAACGCCAATACCTGCACCACGTTCCAAGAAGATGCCCCGCGCCAAAGATTGAGG  
AGGTGAGGCCCATCAAGTGCGCCCAGGTCCAAGCAACGGTGGTTGACCCTCAGGAAATTACATCAGAAAA  
AGCCAGGATCACTGTCGTTGCTTCTGAAAAGCCTAGACCACAGCCCCAAAGGCCTTCTCCCAGACGTAT  
GGTAAGGCCCCCATCTGGGAGTCTACGACTTTGAGTGGGATGAGGAATCGGCGAATGACATCCTTCCTC  
CCCCACACAAGCTCACAAAAGCTGATGAGATAATACTTGGGAGCAAAATTCAGAAGCTTAGAACTATTAT  
CAACACAGCAATACAAACTCAAACTATTACAGCCCTACCGCTTGCGGTGTTTGGAGCTTGATACCTGTGCC  
TTTTCAGCATGGCCTTGAGAAGTTCCCTCAGCGTGTAATCAAGGAAGCCAAAAAACTCCAAGGGGCCCC  
AGAACACCAAGGGGCCCCAAGAACCAGAAGACATCCATTATTAGGGGCATGGAAATCCATGCTACAGCCT  
CCCGTGAACGGAAGTGTGTACCTGATAACTTCCCGCTCATTGGACATCTTAAGATTGATAGGCCATCT  
ACGACTCAAAGAAACCACGGGACGATCTTCTGGGCCTATTACCCGAACCTGGCTGGAAGGAATTTGAAAA  
GTTTCGGACCCACGGTGTGGGGCCCCAAGGCCTTCGCTAAGTCTTTGACAAGTTTTTCTATGCTGAACCA  
TCTAACTTCTTTGAGGACAATCCAGACCTCTGCAGATTTGCGGATTGGGCATGGTTCAGAGAGTTCTCGT  
ACTTGGAGGACACTCGTGTAATTCACATAACAGCAACGGAAAAAAACACCGAATCCACACCTGCCTATCC  
AAAGATGATATACTATCAGACAGAGGAAGATTACCTGGACGCGTACGGCTGGTTCGCCGTATGTCCGTGAA  
TTTACCAAGATCCTCAAAGGGGAGAGACCCGATGTCTTATGGTACCTATTCTAAAAAAGAGATAATAA  
AGGAAGAAAAGATCCGGGACAGTGACATCCGGCAGATAGTCTGCGCGGACCCGATTTTTACCAGGATTGG  
GGCTTCACTTGAAGCACACCAGAACCAGCTCATGAAGTCGAGAACCCGGACGGCAGTGGGCCAATGTGGC  
TGGACACCTATGCAGGGAGGATTCAAGGCAACCATGCAGAGACTCGTGTCAAAGGGCAATAACTTCTTTG  
TGAAATGGACTGGACACGTTACGATGGTACGATACCAACAGCACTTTTTCAGGCATATTAAGAAGTCCG

CTGGAAGATGATCAACAAAGAGCAGCGTGAGAAGTATGCAGGGGTCCACAAGTGGTATGTTGACAACCTG  
TTAAACAGGCACGTTCTCCTCCCATCTGGAGAGGTGACGATCCAAACTAGGGGTAACCCCTCCGGGCAGT  
TCTCTACCACTATGGACAACAATATGGTTAACCTCTGGTTACAAGCCTTTGAGTTTGCATACATCAATGG  
CCCAGATAAGGAGCTCTGGAAGAGCTATGACACCATAGTCTATGGCGATGATCGTCTCAATACAACACCT  
TTTGTACCTGAGAACTATGAGGAGATGATCATCGAGATGTACCGTAAGATCTTCGGTATGTGGGTCAAGC  
CTGGTAAAGTCAAAGTGCAGAATACCATCGTTGGTCTTTCTTTTTGCGGCTTTACAGTAAATGAAGATCT  
GGAACCAGTACCAACGCAACCAGAGAAATTGATGGCCGCACTGCTCAAACCCCTACAAAGCTTTGCCTGAT  
TTAGAATCACTCCATGGGAAACTCCTGTGTTATCAGTTGCTCTCTGCATTCATGGACGAAGACCATCCTT  
TTAAGTGCTATATAGAGCACTGTCTGTCCAGGACAGCTAAGCAGCTTCGTGATTCTGGGCTACCCCCAG  
GTTACAGAAGAGCAACTCCATTACATTTGGAGGGGAGGACCAAAAGACTGTAATGGCTAGCAAGTCTGG  
CAAAGAAGTGACTGTGGAGGTCAATAACACCAATGGCCGAAGCAGGAGTAAGTCCCCGACCCCGTTCCCAA  
TCTAGGGGTTCGAGGCAAAGCAGTTAAGATTACAGTTAACTCCAGAAGCAGTAGCAAAGGAAGACAGAACG  
GACGGGGCAAACGTCAATCTGCTCAACGTGTCCGTAACATTGTCAATAAACAACCTCAGGAAACAGGGTGT  
CACAGGACCTAAACCAGCAATATGTCAGAAGGCAACAGCTACCCTCGGGACAGTTGGATCAAACACCAGT  
GGAACAACCGAGATTGAAGCGTGCATACTCCTCAACCCTGTCTTGTTAAGGATGCTACTGGAAGCACTC  
AGTTTGGGCTGTGCAAGCGCTAGGAGCCCAGTACTCCATGTGGAAATTGAAGTACCTCAATGTTAAATT  
GACTTCCATGGTGGGTGCTTCCGCGGTTAATGGCACAGTTGTGAGAGTATCCCTGAACCCACGTCAACA  
CCCTCTTCAACTAGCTGGTCTGGGCTCGGAGCTCGAAAGCATCTCGACGTAAGTGTCCGGAAGAACGCAG  
TGTTCAAACCTCAGACCAGCAGACCTAGGGGGGCTAGGGACGGCTGGTGGTTGACCAACACCAACGACAA  
TGCCCTCTGACACACTTGGCCCTTCCATTGAGATCCACACGTTGGGACAGACCATGTCTTCATACAAGAAT  
GAACAATTCACAGGTGGACTCTTTCTTGTGTTGAACTGGCATCCGAGTGGTGTTCACCGGTTATGCAGCGA  
ACCCAAATCTTGTCAACTTGGAAAAATCTACGGACAAGAATGTTACGGTAACATTCGAGGGTTCTGCCGG  
AACGCCCCCTCATCATGAACGTCCCTGATGCCAGCCACTTTGCCCGCACAGCTGTAGCTAGGTCTGCACAG  
CCCACCACTCTCGCACGTGCGGGTGAACGCACAACATCGGACACTGTTTGGCAGGTGCTCAATACCGCAG  
TCTCCGCGCTGAACTTGTGACCCCCCACCCTTCAATTGGCTGGTAAAAGGGGGTTGGTGGTTTGTCAA  
GCTGATTGCCGGGAGGACTAGAACTGGTCATCAGAGCTTCTATGTCTATCCCAGCTACCAAGATGCCCTC  
TCAAACAAACCAGCCATCTGCACAGGTGGGCTTCCATCCAGCGCTCGACTGCGCACTGCCACACCAACCA  
CCTTACAGTTTACACAAATGAATCAGCCCAGCCTGGGCCATGGGGAACACCTACGACCTTCGGTGTAGC  
TATTCCAGAACCAGACACGATCTGGCGACTTGTGTTTCGATCCCACAAATGTTGGCCCAATCCGCCCCAAT  
CATGGCGTCTACCTCACGGGGAACCTACACGTCTGACACTCTCAGGATAGGGCCCTCCATTGCCGGGAACA  
ACCACTCCCTCGTGACATGATTGTGCGGGTTGAGAATCCCAAACCTTTTCAACCGGAAATGGGAGCCCTT  
ACCCACCCCGGAGCCCATGCCAAATCTCAGGCTGTATGGGGGGACGACACATATTGGTGACATACTGCTC  
AAATCCCAAGTCCAGGGCCCATCCGGTGCAGCAACGCAGTTTACTGCCACTGCGTACGTTGTGGTCATGA  
GGAACACGACTACACCTAGGACCAGCAACGGCTGGCACACAACCAAGGCCGCACAGTACTCATATATGCA  
GGTGGCACAATCCACCGATGCAGCAGAGTGGAGGTTGTTCCAAGGTGTCTGGTACATAATGTTGAGCTTT  
GGAAATGGGGCAAGCAACACCTGGTACTGGTCCCATTCCCAATTACATCCTCAATGAAGATCTTACACTA  
CAGTCTTACAGCAATTTCTCAACCCAGTGCCTAGACCCTATACGACCATGTTGGAGTTGGATGACATCGC  
GATACCAGCCCTCCATGATGGAGACGGTGGTGGAGGTGGACGAACTGGACGCTAGGGACCTAGTGATGAG

TACGAGCTATCATGCAGGCATGCTGGATGGACTGAAGAAGAACAACACTGTGGCACCTTTGATGCCGCTGAAC  
CTCCTCCTTTTGGAGGGGAGGATGTAAGCGATGAAGAGACAGCTACTGAAACCGAGAGTGACGAGGACGA  
GGATGATGAAGTGGACAGGTTTGGACCTCCACGACTCCTCTGGCTCTGAACCTGAGGATGACGATGTTGAG  
AACGATCGCGTAACTCTCCTCAATACTCTCATTAAATCAAGGAATTGAGATCACACGCGCTGCTAAGATCA  
GCAAGCGTGCCTACCCACCCCTAGCCGAAAAGGTTAGGCGTGGTGTGTACATGGACCTGCTCACCACGGG  
GGTCACCCCGAGTGCAGCATGGGCCGAGGCGTGAAGCAAGCACGCAAAGCAAGCAGGAGAGTGAATCGA  
AACTCCCTGCCTGCTCCCCTTCTGAGAGCCGAGGCCACGCCGAGTAGGATCGAGGGTACAGCTCTCCCT  
CTTTTCTGTCTCTGTTTAGATTATTTTAATCAACATTTAAAATTGATTTAATCAGAAGCAAAAAAAAAA  
AAAAA

> **Astrovirus genome in porcine. Num. access in GenBank : JX556691.1**

CCAAATAGAGCTGCCCGTTGGTCCGGCCCTATGGCGTTGCCTTTTGGACGACACTCTTAGGTTTGGTTTCAG  
CCGCGGCCCGTGTGAAAGGCCGTAGGCTAGATTCCGGTTGCACGTAAGCTAAAGGATTTGCTTGGTAA  
TGGACCTTATTTCTACGATTTTGGTCCTTTAGAAGTCGTTGACTCTTCATCAAAGCAGTTGACTGTGAAA  
ATGACTTCTGTGCAAACCGTCTATGTGTGTCGTCGGTTGTTGAGGACAACTCTTATGTTACCTATAAGTTTG  
TGCCTGGCGTCAATGAATGGGTTGAAACAGAGCCTGTTCTGCATAAACCCACAGCTTTGGTTGGTGTCT  
CTGGCGTGAATATAATCGCTATAAGGACAAAACCTGAGTCTCTCTCCCAAGAGCTCTCCCAACTTAGGCTT  
GAACACTCACTGTTGCGCCATGATTATGAACGTGTACGTCCTCAGCAACCCGCAACCCCTAGGTGCCGGT  
TAGGGTTTATCACAAAGTTACTTATTGGCTTGCTTATTGGCTCTTTAATGGCACACTCCACCCTTGATA  
CAAAACACCTGGGACTGGTTTGGTTGGGTGAGTGCTTGGATACCGATGTTATCGACGGTAAACAAGTTTGT  
GTGAACCTTCTCCCTTGAATGAGACTGAGACCAATCCCACTGATGGCGATAAGACTACTACTATTAGCT  
GGGATCATGAAGGTCTTCTTGACTTGTTAGTCTTGATAGCTCCTTATCTGGTCTCCTGGCCTATGATAGC  
AACAATGGTTGGCTTCTTCTATGTTGCCACAGCTGAACAACCTGCTTACATGCTGGTTTTCCTTACTCTTG  
GCAACATATTCAAAGGCCCAAGTTCTGGCCCTTGCTGGCCTACCATTTCATGGATATGCCATCAGTTGTTA  
CGCTTTGGGTTTCAATGCTTGTCCATTCATATGATGCTGTCTTTTATTGTGGGTGGCTCTTCTTCTGGC  
CGCATTTACCTTATCAGCAGGTGTCTTCATGCCCGATGTACGCTACTCTGACCTGGTCCGTGGCCAGTTA  
GTGGTTTTCTTGTCTCGTCTTTAACTATCTTGTGTTATGATGTCTTTACCTAACTGGCTTGTCTTCT  
CCCTTGTGCTTGGTTATAGGGTCTGCGTGTCTTGACTTTTCTCGTCGCTGAGAAGGTTGAGGTCCGCGG  
CCCTGACGGTAAGGTTGTAGAACTCGTACCTCCATGCCTGCGTGGATTAATAAGGCATCTAACTTTTTG  
CAAATAAATTCCATCAGAAGATAAGAACAGGTATTTACCCACAGCACGGGTAATCCCAAATGGGGTTA  
TCGTCGTTGAGACCCAGGATGGCTCAGGAACAGGTTTTAGGTGCCGTAACACTTAGTCACTGCAGGACA  
TGTTGTGACGGGCACGGAAACACCCAAGATCCAGTGGGCTGGTGTCCCTGCCTACTCTAAAGTTGTCCAT  
CGTGTGCCGATAAGGACATAGCTTTTCTTGCATCCCTCAAGAGCTACAGGATCTGCCCTCCTACCGTC  
TGGCAAAGAAGGTTGAGGATGGCCCTGTAGTTATCACATCTTTGGAAGATTCAGGTGTTTTGTCAGTTGC  
TGTCACTGAAGGTGTTATAGTGACTGATTCCATAACTTATGCCGTTCAAACCTCGGAATGGTATGAGTGGT  
TCACCTGTTACTAACTTGGATGGTAGGATCCTTGCAGTACACCAAACCTAATACCGGCTTTACTGGGGGCG

CCGTCATATTGACTGATGAGGACTTTCCACAACCTAAGAAGTCAGCCCGTGAACAGCAACTTGAAGCTCG  
TATCAAAGAGCTTGAGGCAGCAATGAATCAGTCATCTAATCATGAAGACATTGTGGAGCTTGTGAGAGCT  
GCAGTGGCCCCGAGAATTTAAAGTGCTTCGCACTGAGCTTTCTGCCACCACCTTTACCCAGGCGAAAAGGTA  
AAAACAAGAAACATCATCGTCGTCGTTGGTGGGAAGAAGCGCCGTGCTGTCTGGTCAGAAGAAGAGTACAA  
GGAACTCCTAGAGAAGGGTTTCTCCAAATCACAACTACGTGACATGGCCGAGGTTCTTAGGTCTCATGAG  
GAAGATCCGTTTTGGTTCTGACACTGAATCGGAAGGGGGTTTTCTGAATGGTCCGATGTTAGTGATGCTG  
AATCAATTGAACGGGAGTGGTTTTGGTCAGTCCTGGGAAGACTGTAAGCCTGTTAAGGAAGAGCCTCAAGA  
CACACTTCCTGTGCATCTCAAAGAGAAGTACACCTTGGATGCCTATGTCATTAGCAAAGAAGAATTGAGA  
TCTTTTTGCTAAGGAGTTCAAAGACTATGTTGACAAAGTTGAAGCACTAATTGATAAAAAGTTTCAACAGG  
GTAAGTGGTTACCATCAGTTAACCCACAGCTATAATTGAGGAACTTAACGATCTATGGTTTTGGCCTCAA  
CATGCTGATGTGGGAGAAAGGCTTGGTTCCTTTTACTCAAAGGAAGAAAATCAAGCGTAGGGTTCAAAAA  
AACTCCAAGGGGGCCCCCAAGAGGGGGCCATTACCTACTCCATGATGGACCTCAAAGCTTGGCGACGCTC  
CCTGTATGAGGTTGAGCGTCGCTTAGTGCCAGAGGACTACCCGCTTATTGGTGGGGTGCCCTGGACAGG  
CCTATCTCTGACTGGGATGAACCTATTGATGACTTACTCTTAATGTTGCCAGCATTAAAGAAGATCTTA  
ATTACACTCCTGCTGTTTTGGGGACCTGAGGCCTATACTAAATCTTTTTGAAAAATTTACCTATAGAGAGCC  
TTGCCCTAATATAGCCGCCACGTACCCACGTGAGTGGTCTTTTTGCAACAAAAGCTCTGAGGAGGGAGTAC  
TCTTTTTCTTGCTGATTCTGTTTTGACTGACATTGCTGCTACATCTAAGAATGCTGACTCGACCCAGCTT  
ACCCTAAGTCTCTTTATTGGAAAAGTGAAGCAGACTATCTTGGTGAGCGAGGATATCAGGATTACATTAG  
GCAATTGGATGCCATTTACTCCGGAGAACGTCCAGATGTCCTATGGTACCTTTTCTTAAAGAAAGAGATC  
CTGAAAGTGGAGAAAGTTGTGCAATCTGATATAAGACAAAATCGTTTTGTTCTGACCCTATATTTGCACGTA  
TAGGATGTCACTTTGAAGAAGATCAAAAATGTCAGGATGAAAAACCACACTAAGACACGCTCTGGCCAATG  
TGGTTGGTCGCCCTTCTTTGGTGGCTTCAATGACAGGATCAAGCGGCTATGTGCTTGTGACCCTGACTGT  
TACATAGAATTTGATTGGACACGCTTTGATGGTACTATAACCAATGAGGTGTTTATGCACATCAAGAGAG  
TCCGCTACTCCTTCTTTGCGAAGGAGTTTAGGACGAAGCGTGTCAAAGAAGCTTACCAATGGTACTGCGA  
ACAACTTTTACACAGGCACGTTGTGCTCCCCCTCGGGCGAGGTGACATTGCAGACCCGTGGAAATCCTTCT  
GGACAAATCTCCACTACCATGGACAATAATATGGTGAATGTGTTTTCTTCAAGCATTGAGTACGCCTATC  
TGACCCAGACTGTACAGATGATGAGCTTGAGGCAAAGTGGTCTCGTATGGACACCCTAGTCTATGGTGA  
CGATAGACTATCAGCATATGTTGGCCTACCCGCCAATTATGTGGAGAGGGTTGTGACAATGTATTAGAT  
GTCTTTGGTATGTGGGTGAAACCAGAAAAGGTTATTGTCTCCCCAGTATCATAGGTCTCACTTTTTGTG  
GTCTTAGAATTATTAGTGATGGTACCGCCTTCTTACCTGTTCCAGCTGAGACCAATAAGCTTATCTCTGC  
TCTCATTAAAGCCAACCAAGAAATTACAAGATGTGATGACCCTCTATGGGAAACTCCTTTGCTATCGCATC  
CTTGGCCATAACCTCCCTGATGACAACAAGTTTAAGGCCTACATTTTGGTGGCCTTGGAGGTTGTTGCTA  
GGCACATCAGGACACGTTGTGGTGTGATGAGCCACTCCGCTTTACTGATGAGATGCTTGACCCGCTTTGGGG  
GGGCGGACCAAAGGTCGGATATGGCTGGTGATAAGCTCAACGCATCTGCCAAAGCGGCACCTTTGCTAA  
GGAGGTTGCCAAGGAAGTTGTTAAGGAGGAGAAAAAACTCAGGCACGTAGGCGGAAATGGTATAAGCCC  
CGTCGACAACAAAATCAGCCCCAACAAATCCAAGCAACGGACTACTGTGAGCAAACAAGTTGCAAAGA  
AATTAAGCAGGAAGGCTTGAAGGACCACGGCCCCGCTTCTCAGTGCGAGTCTCGGCAACTATTGGGAA  
GATAGGGCCCAATAAAGAACAGGGACCTGAACTTCAAATTTCAACTTTTCTTCATCCCTCCCTTATGAAG

GAACCAAATGATGGCACCAACTTTGGGCCTCTACAGGCCGCTTCAGCGCAGTGGGGCTTGTGGCGCCTTG  
CAGGCTTAAAGATACGCTGTACGCCCTGGTTGGGCCGTCAGCGGTGACAGGCTCAGTTTATAGGCTTTC  
CTTGAATCTTACACAATCACCCGGTAACACTTCCTGGGGTGGTTTGGGTGCACGTAAACATATTGACGTG  
CCAGTTGGGAAGCAGTCAACTTGGAACCTTCATAGGGGTGACTTGGCCGGCCCGGACAGACGTGGTGGGA  
TGACTGACACTAATGAGGAGGGCGGTCAATCTTGTGGACCTATGGTTGAGATCCATGGCTTAGGGAAAAC  
TTCTTCTACTTATAAAGACGCCGACTGGGTTGGTGATCTTTTTATTGTAGAGGTGGTTGGACGCTGGGAG  
TTCACCAACTACAATGCCAAACCAGCCCTTGGAACTAGATCGTGTGACCGAGGACGTTCAAGCCGGTA  
TTGAGGTTGGCTCGGACGGGATCATGACTATGACTCTCCCCAGCGTTCTAATTTAGTTAAGCATATGTC  
CACAGCTTATGAAAAGCTACCACTGAATGCCCTTACGGTGGGTGAAACCATCTGGCAGATAGTTGATGAA  
GGTGCCGGCCTCATTTCATCTGCGGTGCCCCGCCTTTTGGCTGGCTCATAAAAGGCGGTTGGTGGTTTG  
TTAAGAAAGCTATTGGTAGGTCTAACACGGATGGGACTTACTATGTCTACGCTTCTCTTGCAGACGCTCA  
AAATAACAAACCTGTTGAGGCAACTCCTTTTTTCACGTATACCTGCCCAGACCACCATTCATCCACCCAG  
ATTAATGCACCTAACACTGGGCCATCTTCTTCTCTGGTTATCTCTACCCCTTCGGGTTTGGTTACCAGAGG  
ATCTTCCATCCACGGCCACCACCTTTGAGGTTGTTGGTTATGTGTCAGCCATGTTTTCTGTAAACCAGAA  
TACAACACATTTCCAGTTATTAATAATGTGTTCCAGTAAAGGGCCAAGATGCTAGTGATTACGCATTT  
TCCATTATGCAGAATCCTACCCAGGTAGCTGGTAAAGGCATGGGTTGTCTAATCTTTCAGTCTGAGCCGG  
TATTTCTTAGGTTAAACCTAGACACGTCAGCGTCCACAGTAGATAATATCTTCTTGCTTGATGACACACC  
TGGTATCGGCTGGACTGTTAATTTCAATCTTCCATCTAACCCAATTGCCAACTGTGCAGATGTGTTGGCG  
TATAAGCATGAGAAGTGGGGAGACGACCTCAAGTTCTCATCTGGCTTGTGCGCTTCACGAAGGAAATCC  
CTGAGTCATCTGGCAACTTCTACTGCCTTGTTTCTGCTCCAGTCATTTCCAATGTGGACCAGGCGCCAGT  
CACCATAGTTTTTAAATAAAGTGGCAACTCCTAAGTTGTCCACTTCTTCCCTCGTTGTACATATGCGGGTT  
TCTGTCTCCTCTGTGCAACCTGGTACCTATGGTGTCAATTTACACCCTTGGCAACTATAATGTGACTGACG  
CGACTGGAGTGGCCTCTGCACCAACCCTAACGGGTCTGTTAATGATAGGGTAGTACCTGGCCCCCTTTCG  
TGCAGTAACTGGGATTACACCTATTTGCTCACGACTCAGCTCCCAAATTACTTTCCCTTGTGGGCGAAC  
TTCTTTTCGGCCGGCATCCCGTCCGACCATGATTGACACTCTGATGGAGCAAATTCAGCAAAGATTTGGTC  
TGAAGCCCGTTGAGCCAGACTATAATTCTGATGATGAGAGTGATGTAGAGCCTACTGCTGCTTCCAAATT  
TGCCAAGCACAGCATGTATGATGCTCTCCGTGATTCTGATTGGGATCACGTTGATGCCGATGCTCTCATC  
CATTTTATTTTGAAGGCATCTAATCGCCCCGAGGCCACGCCGAGTAGGAACGAGGGTACAGGGGCCAG  
ATCTTTAATTGATTTCTTTCAGATTTCTTTTAAATTGATTTTCTTTTTTTTCTTTAGGCAAAAAAAAAA  
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

> Astrovirus genome in dog. Num. access in GenBank : JQ081297.1

AGCTCGGTACCCGGGGATCCTCTAGAGTGAGATGAAACCTAAAGCGCGCTATAAGATAGCGCAACAACCT  
GACTACTCCACTGTGGTTGTGTTAGCATAACAGCTCTAATGGACTTGTGTTGTCTCACAAGCGCAAGGCCAAT  
GTCACGGGGATACCATCTCCTACACTGTCCCAACTCAGGATGGTATGTCAGGGGCACCTGTCACTGACTT  
ACATGGCCGTGTGCTTGGTGTGCATCAAACCAACTGGCTTCACTGGTGGTGCCGTAGTTATTTAAACA

TCAGATGTAACACCTCCAACACGCCCAACTGAGGATGACATGCGTAAACAAATTGAAGACCTACGTAAGC  
AACTTGAGGAAGTTAACAAACCCCAACCTCAAGAGACATTGGAACAGTCAAACCTCAGGTGCTGAGGTGGT  
TTCTCTCGTGAGAGAAGCCGTGAGGCGTGAAATGGACATACTACGGCAAGAGATAAAACCAGCAGCTAATG  
TTGCAAAAAGAAGAAAGGTAAAAACAAGGGTGGTGGTGGTAAACGTCAGAAAACATGTTGGTAAGGTTA  
AGGGCAGGAAATACCTAACTGAGAAAGAATACAAAGAACTCTTGGAGAAAGGTCTTGACAGAGAAGAGCT  
CCTCGACCTAATTGATGACATCATAGACAAGAGGATAGGATTTTCTGAATGGAGTGACCCAGGGCTAAGT  
GATGATGATGATTCAAACCTGGGACACATATGGTGATGAATTTGACCATCGTGATGTGGGTTTACAATCAA  
AACCCAAACAGAAAATTAAGGAAGCAACCCAATGTGTCATACAGGTTTCAGGAAGTTGTCCCAATTGATGA  
GGTTACAATTTCAAAGCAACTGAGTCTAAAGACTTTACTCAACATTGGGGTAAGGAACCTGTGTTTGAA  
TCATACGACTTTGACTGGACTGCTGAGGATGCAAAGAACATACTACCTGAAAACCTCTCGTTTAACTAAAT  
GTGACTACATAGTCCTTGGTAGTCACATCCTCAAGCCTAGGCACATAATAACAACAGCACTTGAAACCAA  
CAACTTCAGTGAGTTGCCTAAGGCAGTCTATGCACCTGATCATTTTTGCTTGGGGCCATGGTCTAGAGGGC  
TTCTTACAACGGATTAAATCCAAGAAGCCAAAAAACGTGAAAGGGGCTCCCAAGGGAGCCCCGAAAAATG  
GCAACTAGACTACTGGCAAAAACCTCCTTGAGGAACCACGGTCAAGACGTTGTGTACCGGAAAGCTACCCA  
TTATTAGGCCATTTAAAAATTAGATAGACCAATTTATGATGACAAAATACCCAAAGATGATCCGCTCAAAT  
CCCTACCAGTTCTGATTGGCACGAATTTGAAAAATTTGGACCAACTGTGTGGGGACCGCAAGCTTTCAC  
CAAGTCTTTTGAAAAATTTGACTATGCACCACCTTCAAATTTCTTTGAGCAGTATCCAGAATTTTGTA  
TTTGCTAATTGGGCATTTTATAACAATATGGGTTTCTTGAAGATTCTCGTGTGATACATGTTTCAGCCA  
CTGAGAAGAATCAAGACTCCACGCCTGCCTATCCCAAGATGCTCGACTATGACACCGAAGCCGACTTCTT  
GGAAGCAAATGGTTGGTCACCTTATGTTTCTGAGATCTCGAGGATTATGTCCGGAGCAAAGCCTAAGGTC  
CTCTGGTACTTGCTCCTCAAGAAAGAAGTCATTAAGTTGACAAAATTGCTGACTCAGACATAAGACAAA  
TTCTATGCAGTGACCCTATTTATGTTAGGATAGGTGTGGTACTTGAAGGACATCAAAACCAGCTTATGAA  
AAACAACACTGAAAAAACCCATGGACAATGTGGTTGGACACCAATGGAAGGTGGCTTCGCCTCTCGCATG  
AAACGCCTTATCTCCAAAGGTAACGCACATTTTCATCGAGTTTGATTGGACCAGATTTGATGGTACTATAC  
CATCTGATTTGATTGACATATCAAGAACTCCGCTGGAGTTTGGTTAATGCCGAACAAAGGAGGAAATA  
CCAAAACTTCATGATTGGTATGTTGACAATCTGGTCAATCGCACTGTGCTACTTCCATCTGGTGAGGTT  
ACAGAACAACATCGTGGTAATCCATCTGGCCAATTTCCACTACCATGGATAATAACATGATCAACACAT  
GGCTCCAGGCTTTTGAATTTGCCTATTTCCATGGACCTAACAAACAGCTATGGATGAACTATGACACCTT  
GGTCTATGGTGATGACAGGCTGTCAACAACCCCACTCATTCTGACAACCTATGTTGAGAGAGTTGTACTA  
ATGTACAAAGATGTTTTTGGGATGTGGGTTAAGCCTGAAAAAGTCAAATCTCAAACACCATTGTTGGTC  
TCAGTTTTTGTGGCTTTACTGTAGATGAGAATCTTGAGCCAATACCCACACAACCTGACAAATTGATGGC  
CTCACTTCTCAAACCAGCATCCAAACTTCCGGATCTTGAATCACTCCATGGGAAACTCCTGTGCTATCAG  
CTCCTCTCGGCTTTCTACCTGAGGAACACCCTTTTAAGGTGTATGTGAGAGTTGTCTGGCTGCCACTA  
GCAGGCAGCTTCGTGATTCTGGTTTACCTACCAGATTCACAGAAGAGCAAATGCATCGCATATGGAGGGG  
AGGACCAAAAAATTGCGATGGCTAGCAAGCCAGGCAAAGATGTTACCGTCGAGGTTAAATCCTCCGGGAC  
AAAATCAACATCCTCCAGGAGCAAATCCCGGGCCGAAGCCGGAATGTCAAATCACTGTCAACTCACAA  
CCAAGGGCAAACCGAAGGAGACGAAACAGACCTAACAAATCGTGGTCGCAAGAGAGTTGAGGCTGTGCTTA  
AACGACAGCTCGATAAGGCTGGAGTCACAGGACCAAGACCAGCGATCACCCAAACTGCTACATCTACTCT

GGGGACTATTGGCCCGAATACTTCGGGTGCAGTAGAGCTGGAACCTTGAACCTTTATGAACCCATGCTTA  
GTCAAAGAATCAACAGCTTCCAACCTCTTTTGGACCCATCCAAGCCTCTGCAGCCCAATACAATCTCTGGC  
GGGTAACTAAAGCGGATGTACGGCTTACACCTATGGTAGGCCCGTCTGCTATTTCTGGCACTGCTTATCG  
AGTATCCCTTAATACAGCGGGGACCCCTTCATCAACAGGATGGTCTGGCCTAGGCGCCAGAAAACACAAA  
GATGTTAGGGTGGGTGCTATGTCAACTTTCAGAGTTACTGCGCGAGATATGGCGGGCCACGTGAGGGTT  
GGTTTGTACCAACACAAAATGAATCAGGGGGTGAATCAGTAGGACCTACAATAGAGCTACATTCACCTTGG  
TCAAACACAGTCCACCTACCAGAATGCTCCCTATTCTGGCCCTGTATTTCTTGTGAGCTTCACTGCACT  
TGGCAATTTGCCAACTATAGTGCCAATCCAGCACTTGCATCCCTTGAGAAAGGAGAGGATAAGGATGCTG  
AGATCAAATTTGAGGGTGAAGCAGGACAACCATAACAATGACTATTTACCACATTCCAACCTGGCTAG  
GGCTCTTGAAACAAAATCAGCGATGCCCTATGCCTCAGGTGCGCGAGCTGCTGGTGAATCAACATCTGAC  
ACCATATGGCAGATCGCTTCAACTGCAGTAGATGCAGCCTCAGTCATTGTTCCCCCGCCTTTCAACTGGC  
TTGTTAAAGGCGGCTGGTGGTTTGTCAAGAACTTGCAGGGCGCACCCGAACCTGGTGAGCTTCAAGTCCA  
AGTCTTTGCAAGCTATGAAGATGCACAGAACAACAGGCCTGCAATTTGTACAGGAGCTGCTCAAGGCAAT  
AATGTACCAAGACTTCATAATGTGAAGTTTGTTCAGATGAATGCACCATCGACTGGTATGCCACCTGAGT  
CTGCAGTAGGTGCTTTTCAGTGTACCCCTGCCAGATGCGCCAGCTGTTATTGGGGACAACCTTCAAACCTTGT  
AACAGGTGTGTTCCAACAATACCAACAGAACCACCATGCCAACCTATTTGTACCACAACACTACAACAAA  
GTGGTTGTTAAAATAGGTGAGCACTATGATGAAATCAATTTTGTGTTTCAGGGCAACAACACCCACATCT  
GGCTTGCAAGTACTCAACCCAATTTCCAGGTCTCCAGCAAACCTAGTGCGTTGGACTTCATGGAAGTGGG  
TCAGAAGAGTAACAGTCAATACCTAACCCGGGGAGAAATTTGGGGCTATTCACAACACAAAGTCTCTAGC  
ACTAATGGCCAAAGTGTCTAACATTTCTATGTTGGCCAGCTTAGCCGCCAAATACGCTACTCCAACCTACA  
AACAAAGTTAGGTATGCTTTCTCTGGTAACGGGTCAACAACCTTCACTCAATCCAATTGCCACTGAATATGA  
TCTGCAGTTCCTTGAACCTCAATCCAGGCCCTGGTTTCATTTTTGTCTCCATGCACTTTGTCAACAGTTCA  
ATCCAAGGCTTTGTTGCTACTGAGAATCCATCAAGACCAACAATTGTGTGCCCTTCTGCAGCACAAAACC  
TGCTTGTGTGCACAGGAAACAATGTCGCCAGCACAAATGGTAATTGATTTCCCTCAGAACACCACCAACTTT  
TACACAACAAGCAGAACAAGCCTTGTGTTGATTTGCCACAGCCATTGAAGATGGTTTTCTTCCAGATTCT  
GAAGATGAAGATTTTTCTGATGATGATTCTCTTCTTGTGATGATGATGATTTTTTCCCTGCTTCTGATCAGC  
AGGTTTTTTCCAGTCGCCAGGTCTTTCAGAGCAATGGTCAACGAGGGTTGGCCAGAGGACCAGGCTGA  
GCGCCTTGCCAAACGCGCTCTCCCTACACTAAGTGAGAAAGAACTTAGGGATGAATTTTTAGTCGGACTC  
GCTGACGGCTTTTCGCCACGTCAAGCAGCCGCAAATGCTCGTGAAAAGTGTTCCTGAGGCCACGCCGAGT  
AGGATCGAGGGAATCTCTAGAGGATCCCCGGGTACCGAGGC

>Astrovirus genome in porcupine. Num. access in GenBank : KJ571486.1

GTCAACCACATACCGGACCACCAACCAACGGTTCTCACCGCCGCCCTCATGCACGACAGATCTAGAAAGG  
CTAGGGAGATTTTCGAGCCTGCGAATGGATAACGAGATCCTTAGAGGCCAGGTGGCATTCTTGCAGGAATGA  
GACTACCACAACACCCCGCTTGATTTTTGAGCTGGCCGACCATCTTCGCGCTCATCTTCCCTGGCTTCTCG  
CTTTTTCTGGCACACGGCAAACGGGCTCACAACAACATCCACGACTAACTCGGTGGACCCCATCAGAATGC

TGGAACCTTAACAAATGGCTAGAGGATTTTATCAACAGGGCGAAGAATACAATCCATACACACCACACTAC  
TGTTGTTAACGCTATTGTTACCTCGCCATCATGGATCCTCGCTAGTGCCGTCATCCCCTATCTGTGGCAT  
GTAGTCGCAGTTGTTCTTAGTATCATATCAGTCTACAGGGCTCAGCACGTCGTCTTATCAATACTCTACG  
TTGCTGCTGCGACTATCAGTGGTGGGACTGGATATTCCTGGCGAGTGCATCCATGCAAACGGCAGTGAG  
TTCTATCATCCAGATTGTGTGTGTTGTCATCTCCCATATTGACCCCATGGGAGCGATCTGTGTCTCTACC  
CTCGCCATGTTCTCCACATTCCTAGTCAGCATGTGCTTTAACAACACTGAATTTATCCAGCATTC AAGGG  
CAGCATCAGCCAACACCATCATACTAGTGGCCTCGCTTGTCTTGAGGACGCTTAATCTACCATCTATGCC  
ACTTGCCCTCGGCCTTGCTTTAGTTTCGAGCGTACACCCTACTAACAGCCACCACGGGTGCTACAGTTGAA  
ATACGTAGTGATGATGGAAAGGTCATTTCCAAGGAGAACCTGAAACCTGGGCTCCTCTTTTCGCTTCAAAC  
AAAGCTTGCGGAAGTTGCTCAACTGCGCTCCACTATGCCACCTTTGGTGCGGGTGAATCCAACAGCAGT  
GTTACGCATTGAGACACCTGATGGCATTGGGACCGGCTTCCTCTGTGCAAACACTACATTGTAACAGCTGGG  
CATGTTGTTGGGCAACACAAGGTTGTGTTAGCATGTGTGGGTAATGCAAAGTACCAAGCCCCCTGTAGCCC  
GTCACGTTGATAATAAGGACATCGTACTCCTCAAGATACCGCAACCTCTACAAAGCTACCCTCGTCTCAA  
AATTGCTAGCAAAATTGAGACTGACTGGTTGTGTGTGTACTIONCACCTGACGGTGAGGGTGCCATCGTTTCA  
TCAGTCACCCCTGGGCACCAAGTTGAGGAATGCCTTGACTATGCAACACCAACCCGTGACGGCATGTGAG  
GAGCTCCAGTGGTTAATATTGGCGGCCGGGTGATGGGTGTTACCTGACTAACACTGGTTTTACAGGTGG  
GGCTCAGATCATCACCCAGGCTGATGTACAGATCCACCCAAGTCCACACCCACCGAAGATAAGCTCCGT  
GCTGAACTTGAAGATCTCAAGAAGCAACTGGCAACCTACACCCAGTCTAGCACACATGATGACGTCATTG  
GCCTCATTAGGGAGGCTATGGCTCGGGAGATGAAAATCCTAAGAGCTGAGCTGAACAAAGAGCTTGCCGG  
TATCACCCAAGACCAGGACGACTTTTTACAGACTAAGAAAGGTAAGACCAAGAAGGGTCGTGGTTCGTATC  
AAGCTCCGACTTGCTGGTGCACGAGGCGCAAACAACGAGGCCCGGTCTTCACAGAGCAGGAGTATCAAG  
AACTTCTTGACCAAGGTTAAGTTCCGATGACATACGCGACATGGTTGGCCAGCTCTATGAGGATGAAGT  
TGCTGGTTTTCCCTGAATGGGAGGAAATGAGTGATGGCTACGATCCAGATCAGGACTGGGAGTTGCAATCT  
GATTCCGACTTTGGACAAAAAAAATCACTGTCAAGTCCTTCAAACAATACCTTGAGAGGGACTATGATC  
CAAAGGACGTGGAGAGCATGTTGAACTCCCTTACCATGGCTGATGTTGAAGCTATTGGACCACTCTATCC  
CATGGTCGCCAAGTGCAAAGCAACACCACTCTGCTCGGCGCTCTTGTGTCTAGTTGACCGCTACGCTGTG  
TCCAGTGGCCTATCACCCCTCTCAAGGTATGCGCTACACCCAGCGTCGGGTTCCAAAAAACGAGAAGC  
GGGCCAGAACCAACGGGCCCGGAAATCCACAACTAGATGCTTGGAAGCCCTGCGCCTACCACCGCGC  
AGGAGCTTAGTGCCAGACAACACTACCCGGTTGTCTGCAACCTTCCAATCGATAGGCCCATTTTTGATACCA  
AGTTAGCTGATGACCCCTACTTGGCCTGTTACCACCATGTGACCCAGACCTTCCCTTCGGACCAGCCGT  
TTGGGGCCTGAGGCGTACACCAAATCCTTCCAAAAATTCTACTACGCAGAACCATCAAATTTTTGGGAA  
CTCTACCCCGAGGAATGCGCGTTTGCAGACAAGCAGTGGCGTATGCACTATAACTTCCTTGAGGATTTCC  
GCGTCATCCATATAACCTCAACCGATAAAAAACATGGATTCAACACCAGGATAACCAAAGTGCAGGTTGTA  
TGAAAGTGAGCGGGACTACCTTGAGGATAATGGTTGGGGACCCTACATCAAGGAGTTCAAACGTGTAGAC  
GCTGGTGAGAAACCTAAGGCCCTGTGGTACTGCTTCCTCAAGAAAGAACAGCTCAAGAAGGAAAAGATCA  
AAGACGGGGACATACGACAAATAGTCTGCCCCGACACAATCTACTCTAGGATTGGAGCTGCTCTCGAACA



GCATCAAAACAACCTTATGAAGAAGCATACTGAGGATAGCAGTGGTCAATGTGGCTGGACTCCCTTCTTT  
GGGGGTTTTGAGAGGAGGATGCGCAAGCTCGACCATGGCTACATCATCGAGTTCGACTGGACCCGGTTTTG  
ATGGAACAATTCCAAGGGCACTTCTGAAGCACATAAAAGACCTGCGGTGGGAGAAAATGAATAAAACACA  
CAGAGAAAGATACAAGCATGTCCACGACTGGTACGTGGAGAACCTCCTAACCCGCTATGTGCTCATGCCC  
TCTGGTGAGGTGACCATCCAACGCCGAGGTAATCCGTCAGGACAAATCTCAACAACATCAGACAACTGTA  
TGGTGAACACTGGCTCCAGGCCTTTGAGTTTTGCCTACCTCAACAAGGGGAAGGATATCAATAACCTCTG  
GAAAGAGTATGAAACCATCGTCTACGGTGACGATCGTCTTACCTCCACCCCTTGATCCCTGACAACACTAC  
GTCGACCCGCTGGTCAAAATGTACAAAACAGTCTTTGGAATGTGGGTAAAGCCAGAAAAGGTCAAAGTCA  
CAGATACCATCAAGGGAGCATCATTCTGTGGCTTTCACAGTCGGGGAGAACTATCAGCCAATTCCAACCAA  
TCCTGACAAACTCTGGTCAAGCCTTGTACACCCTGCCAAAAGTTGCCTGATGAATTAGCCCTCTATGGG  
AAACTCCTTAGCTTTAAAATCCTGATGCACAACAGTGAGGAACACCCATTTAAGGAATACATTGAAAAAT  
GCCTTGCCGCCCTAGAATCCGGGTGTACCTTGCCATAAATTACTGATGAGCAGCTGGATCGTCTTTGGAG  
GGGAGGACCAAAGACAGCATCTAATGGCTAACCGCCAGCAGAGGGCGTCTCCACGCACTACGACTAACAT  
CGTGGTGCGCAATGGAACAGCTGCGAACCAGGCGAGGGCATCTGGTGCGGCAACAAGTAATAGAAGAAGA  
AGGAATAGGGCGAGGAGACAACCCAGGTCAACGTGCGGGTGTACCCCTCAAAAATAAGGGTGCCCGCC  
GGTTTCTAGGCGCCCGGGTGTGCGGTGGTGCCTGGTTTTCCAGAAGATCAACACCACGCTCGGTACGGT  
CGGCTCGAATGGGAGTGAACAGATAGAATGTGAGCTGACATGTCTGATGAATCCAGCCACCATGAAGGAG  
GCCACTGGTAGCAACAGCTTTGGCCCACTCGGGATCTATGCGTCCACATATTCCTCTTTAAGATGACGC  
GTTGCGTCGTACGTTAAAACCACTCGTGGGGACAGTGTGTATCCGGGACAGTGTGTGCGGTCTCTTG  
GAACCCGACATCGTCTCCATCCCAAACATCCTGGAGTGCCTTGGTGCACGTAAGCACGTGGATGTGACG  
CCTGAAAGACCCGTAGGTTTATCCTCACCAACCAAGGACCTGGTAGGTCCGAAGGGGGCTGGTATAAGA  
CAAACACTAAGGGGGACCCCATGATGTGCTTTGCAGGTACACTTGAGGTACATACCTTGGGGAAAACAAT  
GTCCACCTATCAAAACAATGCCTTTCACAGGAGCACTTTTCTGGCTGAACTTGAGACCGAATGGCAGTTT  
AAGGACTATGCCCAGCAACCAGGTATGCTTAATCTTATAAAAGGGGAAGATACGCGGCAGGCTCAAATAA  
CCACTGATGGCTCGGGGAAAATACAGCTTGTGGTCCCAACAACACGCGAATGGCTCGTGCAGCCACCAA  
CGCCGCCAGTGAAATCATCTGGTTAGTCACGGACACAGTCATTTCAGACGGGTGCTAGCCTATTGCCACCT  
CCGTTTTGGGTGGTTAATACGCGGTGGCTGGTGGTTGGTTAAAAGAGCAGCGGGTGCCCTGTTAGGGCCG  
GCAACACCACCTTTGATGTATATGCATCAATTTCTGACGCCCGCGGAGCATGCCATGTATTGCCGACAG  
TGCTAACATTGAGCCTATAGTAGTGGGCCGCTTCATTTTCAGCAAGTCACGCTGGAAATACGGGAATA  
AGTACAGACATGCCCTTACCCGGGCGATCACCGAGCCCTACTCCACACCGACCCAGTGTATGTCACAA  
CTGCCTCTCTCATCAACATAGGCACCACACCGGGCACTACTGTCAACTATGTTCCAGCATTCTGCGCATG  
GAGATCTTTGGGAACTAGCCAGAATGACATCAATGGCGCTGGCTTTATCGTTGGCTCCCAAAGGGTAGCG  
ACGTATAACCTCTATAAAGTGACAGTCTCAACTGACATAGGTGCAATTGATCCCGCATGTTTGACAACC  
GAGTGCCGTTCTATTTGCTAATCAACGGCAATGAGAGTAGGCAAGCCGGCTTTGCTGTTGCTGCGCAATA  
TGACCATATGGACTACTCCCCATCCCTCCGGGTTTTCTTCAGTACTCGTCTATGCCACGTCAAGTGAAGCT  
TTCAACTTTCATCGAAACTGGCGCACAAACGACTGTCACGTACCCTGTTACCTACAACAACGATGAGTGTG  
CTGCTAAGATCAGCACTCCAGAGGCTACCACCGAAAGATACCTCCGGCTCAAGTTTTGAGCCTGGCAACTG  
GTACGTGGCTCAGTTTTGTTGTGCATGGAGTTGTGGACAGGTAATAAGGTTGGCAATATCATCGTTGCA

TCCAACGCCACGTCTCAGATCTCCAGTGAGGATAATTACTTCTACCCCCACTGTCGATGACGCTCATAACAG  
GGCTCTTACCTGTCTATATCTCCGGCTTGC GCCTGCAGGTCTTCACAACGAACCAGGTGGTGAGTGACAC  
TGAGACTCGTAACATCACCCAAGACTTGGACCCACCCTCTGGCCGTGATGATTACCGGGGGGGACCCTAC  
TATAACCTGAAAGAAGAAGTTGATGAGGATGACTTTCTGAGCCCCCTGCCACTTTGACTCAGACCTAG  
ATGATGATCAGGACCTTGAAATGGGGCCAGAAGACCACTATTCCGATCCACCAATATCCCGGTTGGTGGT  
TCGTGATGATGCGTTTCGCCTTGTATGAACAGCTTCGCGCGACGCACACAGAACGGGCAGCCCCGCTTGGCA  
GTAAATCAGCTGTATCCAAGCGATGAGTACACCGAATTCACCGAGGTGTACCATGACGCGTTAGCTGACG  
GCCTATCACCTAAGGAGGCTAGAGCTCAAGCTCTGGGCTTCTAGGATGGCACTCGTGTGCATGCAAATTTCT  
TAATCATTTTTTCAGTTTTCATTTGTGATTTGATTAGCATAGGTGAAGGGGAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

> **Astrovirus genome in fox. Num. access in GenBank : KC692365.**

AAGGGTCCTTATGATGCCGTCTTATCTTTTCGGCTCGCCTGGTGCAGACGTAGAGGTATGCAGCTCAATC  
TTCTTGC GAAGGATAAAACTGGAAGACATTTTCTGCGATGGGGGCCATTGTGTTTTGAGTTCCATGATA  
TTAGTGTGTTGACTCTTCTACTGGTACAGTCACCCCGACAGCCAAGAAGGTCAAGACGATTGCTGTATC  
TGGTGTATCTGGCGACTGTCAGTATGTCACCTTATGCTTTTGTCCCGGGAGCTAACACATGGTGTGAGATC  
GACCCTAAAATGCACAAACCTACTGCTTTAGTTGGTGTCTTTCGCTGCGGAACACTCCAGACTCAGGGATG  
AGAATCTGGAATAAAGCGTCAGATTTACAGTTTAAGCTAGAAGATGAGCTGCGTAGGCATGAATTTGC  
ACGCCTTCAGGAGCGGATTACACCAACTATGAAGAAACAGTCAGTTTGGAAATGGCTCTTTTATTCAATG  
CTGTTGGGAATACTCCTGATTTTCATCGTGTAAGCTGAGGGGAGATATGGTAGATGCCTGGATGTGGACT  
TGACGGAAACAGCGTCACCCCAAACCTTGACGCACTGGGTCTGGGAGCGACCTGAAGAACCCATATCACA  
ATCAGACACGATTGTGATTTGGCTACAAGAAGTGAATTAACAGCTGATTAATGCATGGCATGCATCTGGA  
GCTCCATCAGTGTTAAGAAATGCATGGATTTATGCCATAGATTGGCACGTGTTGGCCACGGGCATAGGCT  
TGGCTTATGTGATGTATGCCGAACATCCAGGTTATATGTTGACAACTTTAGTTTTAGCAACGCTATCTAG  
GGTACAACCTTTTGCTTGTGAGCAATACCTAGCCTTGATATAGTATCCACGATTTCTTTGTGGATATCC  
ATGCTAGTCTACATGCTTGATCAACCTATGGCAATCCTAGCTTCATGCTTCTTGGGAGTTGCAGCAGCTG  
TGGTCTGTGTAGTTTTACCAGATCAAACTATAGCCAAGTTATCAGAGGATCAGGTGTTGTTATTTAAC  
GATAATAGCATCTCATGTGGCTCATATTACACATTCACCAACATGGCTTTGTATTGCATTAATAGTCTTA  
TATAGGTTATATAGAGTCACAGCCTTTGTCTTTTCAGAACGTGTCGAAATTAAGGGCCAGATGGAAAAG  
TTCAAGAGGTAATAATGCCAGCCATCATGGCTAACTAAGGTTAGCAAAGTTCTTAATCCTTTTAGTCA  
GAAAGTCAGAACTGGCATAGCCCCACTGCTAGGGTTGTTCCCAATGGGGTAGTTATTGTTGACACAAAA  
GAGGGTACAGGTACGGGCTTTAGGATGCGAAGTAACATTATTACAGCTGCACATGTCGTTGGTAACGAGG  
ACACTGTGCGCATTGTCTGGGGGGTGTCCAGGCGTTTGTCTAAAGTTGTTTATAGACATCCTACAAAGGA  
CATCGCATTCTTATCCTTGCCCCAAGAATGTCAGGAACTACCTACCTATAAGCTTGCCAAGAAGATAGAG  
GATGGTACAGTTGTTATAACCTCGTTAGATGATGGAGGAGTACTAGCAGTATCAGTATCTGAAGGTGTTG  
TTGTCAATAATAACATGACATATGCTGTGCATACTAAAAATGGAATGAGTGGTTCTCCGGTTACAAATGT  
GGATGGTTCGTATACTAGGTGTTTCATCAAACAAACACTGGGTTACAGGTGGTGCAGGTGATCCTAACTAGT

GAAGATTTTCCACAGCCAAAAAACCACAACGTGAAATTGACCTAGAAGCTAAGGTTAGAGAACTTGAAG  
CCGCTTTGGCAGCACACCAACAAAGTTCAAATATTGATGATGTTGTTGACTTGGTTCGTGCCGCTGTGGC  
TAGAGAAATGCAGGTCTTACGGCAGGAACTGGTCAACTCCTCTTTTTGGTCAAGCAAAAGGTAAAACTAAA  
GCAAAAAGACGTCTCATGGGGCGCCCTGGCAAGAACTAAGGAAAGCATTACCGGAGGAAGAATATAAAG  
ACCTTTTGGAGAAGGGTTTACCAAGGAACAGCTTCGTAATATGGCGGATGCTATACGCGAAGCTATGGA  
CTATGCTGAGGAAGAAAATGAGTATTTCAGATGCTTATCCTGATTGGTCTGACCATGATTCTGATGAGGAG  
ATTGAGCGTGAATGGTTTGGCCAGTCGGCTTGGAAAGACTGTGAACCAGTCATGGAAGCGGTTGTAGAGA  
CTTTACCCATTACCTTAGAGATAAAATTTGGGCTTGACTACTACCTCATTACTGAATTTGAAGCCCCTCA  
ATTTGCTAAGGAGTTGCAGGACTACAAAGAACATTTAGAGTCCGTTATTAAGAACAATGTTGAAAAGAAC  
AAGTGGGTTTCAAGATACGGATACCAAAGCAGTTTTAGAAGACCTGAACACCATGTGGTATAACTTAAATC  
ATCTTTTTTGGAGAATGGCTTAATTCCATTTACACAAAGGAAGAAGCAGAAGCCAAAAAACGTGAAGAG  
GGGCCCCAAGGGGCCCAATAACTTATGAAGAGATGCGCTTGTCCGCATGGGAGAGGTTTTTGGAGAAC  
CATGTGAACGCTATTTAGCACCTCCCAATGTGCAATTAGTTGGTTACATCCCAATTGACAGACCAATATC  
TGATTGGGATGAACCAATTGATGATCTCTTGAACCTATTACCACCAATTGATGATGATATTAATTATGGT  
CCATCTGTTTTGGGGTCCAGAGGCCTATTTGAAATCATTTGAAAAGTTTTTCTATGCGGAGCCATGTTCAA  
TGATAAAGGAGACATACCCAGGGAGTGGTACTTTGCAATAAGGTGCTGCACCGTGAGTTTAATTTTTT  
AGAAAACCTCAGTTGTTATTGACATAACAGCTACATCAAAGAACTCAGACTCTACACCAGCTTTTCCAAAG  
ACAAATTATTGGAAGACTGAAATGGACTACCTAAAAGAGAGGGGCTACCAAGATTATATCAAGCAATATG  
AGGCTATCTTGAATGGGGAGAGACCACGTGTCCTATGGTACTTGTTCCTGAAGAAGGAAATCCTCAAACA  
GCGGAAAATTGATGAATCTGATATAAGACAAATTTGTCTGTTTCCAGACCCAATATTTGCCCGAATTGGGTGT  
TGCTTTGAGGAACATCAAAATTTATTTGATGAAGACACATACAAGGACACGTATGGGTCAATGTGGTTGGA  
CCCCTTTCTTTGGAGGTTTTAAGAAGAGAATCCAGCGCTTAATGTCTAGATCCAATCGATTCTATATAGA  
GTTTCGATTGGACGCTTATGATGGTACCATTCCAATGGAAGTTTTTTTCGCACATAAAGCGCTTTAGATTC  
TCAATGTTGGACCCCCAATATCATGGTGAACCCCTTCAATCTGTTTACAACCTGGTACTGTTTACAGATTT  
ATTGTAGGCATGTCCTTATGCCATCAGGTGAGGTAGTCATTCAAGACAGAGGGAACCCCTTCTGGCCAGAT  
CTCTACAACCTATGGATAATAACTTAGTTAATGTCTTTCTACAAGCATTGAGTATGCATACATCTGGCCT  
GATAAGTCTGTAGAAGACCTCTTTGAAGAGTGGCAAAGTGTGACTCTTTGGTGTATGGTGTATGAYAGGC  
TCACTACATTTCCAAATGTCCCTGATAATTATGTTGATTTAGTTGTGGAGATGTATAAAACAGTGTGTTGG  
CATGTGGGTCAAACATGAAAAGTGAGGGTTTCCAGCACACACCCGTGGGATTGTCTTTCTGTGGTTTTACT  
ATTAATGATGATTTGGACCTTATACCAACAGATTGTGATAAGCTCCTAGCAGCTCTTGTAAAACCTTGTA  
AGAAGTTATCAGATATAGATTCTCTCTATGGGAACTCCTATGCTACAAGATCCTTTGCCATAACCTTGA  
AGATGAACATCGTTTTAAAAATATATTTGTGTGGCACTTGAGGTTTTTGGCGCGCCATATTCGCTATAAGG  
GTGGTGAAGAGCCATTCTTATTTAGTGATAGGATGCTTGTATGCGCTCTGGGAGGGGAGGACCAAAGAGCG  
GCTATGGCGTCTAACGCCAAGCAGCCAAGACCAAGGCCACCATTAAAGAGGTGGCTAAGGAAGTAGCTA  
AGGAAGCTATAAAAGAGACAAAAAATGGCCAAGGGCCCCGGAAGTGGCATCGTCCGGGGCCCAAGAAAA  
CAATCAGAACAAAGGCCAAATGAATCAAAAACCAAGACACAACAGACTGTGCAGAAGGCTGTAAACAAG  
AAACTCAAGAAGGAGGGATTAGAGGGTCCACGTTCTCGTTTTTCTGTCCGTGTTTCTGCAACTATAGGTA  
AAATCGGGCCTAACACCAGTCAAGGACCAGAACTTCAAGTCTCGACCTTTCTTCATCCCAGTTTAATGAA

GGAGCCAAATGATGGTACTAATTTTGGTCCATTACAAGCTGCCTCAGCCCAGTGGGGCTTGTGGCGTTTG  
ACTGATTTGAAAGTGGTGTTTACACCACTGGTGGGTTTCATCAGCAGTCACAGGGTCAGTCTACCGCACTT  
CACTCAATTTGACACAATCACCAGGATCTACTTCCTGGGGGGTCTTGGTGCTAGAAAAGCACCTGGACAT  
ACCCGTGGGTCGCCAAATGGTGTGGACTTTGCACCGAGGCGACCTCGCTGGACCCAGGCAAACCTGGTGG  
TTAACTGACACAAATGAGGAAGGTGGCCAGTCTTGTGGACCCATGGTTGAAATTCATGGTCTAGGAAAAA  
CTACATCGACATATAAAGATGAAGCTTGAATGGGGACCTCTTCATAGTTGAGATCAATGGTAGATGGGA  
GTTTACAAAATTATAATGCTAAGCCCGCTTTGGGTACATTGGACCGTGTACTGAGGATACTAATGCATCC  
ATTGAGGTGAACTCCGAGGGTATGGTGTATGCCATTCACAAAGGGACACAGTTGGCATTGCACATGGGTG  
AGCGCTATGAGCGTATTGGTACTAATGCCTCTAGCGTTGGTGAGACCATCTGGCAAGTGGTGGATGAAGG  
TGCTGGTTTGGTCGCTAACGTTGCTCCACCGCCTTTTACTTGGCTAATCAAGGGTGGTTGGTGGTTTGT  
AAAAAACTACTTGGTAGAGCCAATGCATCTGAGGAACAATACCTAGTTTATGCATCGTTGGCGGATGCAC  
AGAATAACAAACCAGTTGAGGCACCAACCTTCCAAAAACAAACACATGCTACCCTTTGACTGTCACCCA  
AATAAACGCCCCAATAACAGGTCCATCTGGAGGAGTGTGAGAAGTTCATGCGGGACCAATTTATCCAATT  
GCTCCTATAACCATCAATACCAACACAACCATTTAGAGTTATGGGCCAGGCAGTGAGGCTATTAACCTTTGG  
GCGATAATTCCTCCAAAGGTGGTGTGGTGGCTGTGTTCATTGCTAGATTTAGTTCTGGCCAGTCAGGCTA  
CAGGTTCCCTTTACTTTTTTGAAGGGATCAGAAATCTGTGGACAAGCCTTCAATGGTTTAGTTTTTACT  
AAACCACCTATTATAATCACTGAGAGTCTCTCAAAAATTACTGGTGTTTATGACCCTGGCTCGATACCAT  
CCATTGGCTGGACAGTAAAATTAATATTTCCCACTGTTGTAGATGACTATGCTGAGGTCTTGGGTGTCTA  
TCATGAACAGTGGGTTTTCAGGCTCAACTCGCCTGACTCTTTCATTGTACTTTGTTAGGTTTCTGAAATCT  
GTGGATGCATCAGCCAATACATATGATATACATGTGCCTTCATGTGTTTTGGGCGCTTCTGCTGAGTTAG  
CACCAACTACTTTCAATATTGGAAAAATTGCGTTTTCCACGCATCAATAATGATGGGACTAAAGTTTTGGCT  
GACGGGCACCACAATTGGGCAGTACGGAGTTCTCTATACTGTTGGCAATCAGGTACCTAGTCCTACGACA  
ATGAAAGCTACCATACCTACATTGGCTGGGAATGTTAATGATTATAATCTTCCTCAGCAAACCTATCTTGA  
CTTCAGGCATGACAGCCACCGCAACAACATCTGTTGCAGAAGCCTCTGCATATATAACATCACTGTTTAC  
AAGACCAACAGTCCATGATGATGTTGAGGACATCATGGAGAAAATTAGGTTAAGGTTTTGGTCTCACTCCT  
AGGGTTGATTCTCGAGTGAAGACAGTGATTTCAGATTGTGGGGAAGAACCTCCGTCATATGATGACCCGA  
TGCTACGACTTGCCAAGCCCCGTGTTTATGACGCCTTGCGTGATGCCGATTGGGATCAAGTAGATGCTAC  
CCAGTTGGCAGAAGCGATAAGGGCTTCCCGCTCCCCCAACCGCCGCGGCCCGGAGTAGGATCGAGGG  
TACAGTGGTTGATGGAAATCTCTTTTGTGATGATTACTAATCCCTAAATAATAATAATAATAATTAATCAATT  
TGGCAAAAAAAAAAAAA

> **Astrovirus genome in rat. Num. access in GenBank : NC\_018701.1.**

CCAAGAAAGAGGCACTAGTGGCACTCCTGCTGCTAGTAAGTCTGACATGGCCCTGCGTAAGGAGTATACT  
TCCCTTGTGGACCAAGCGGTCGACGCTGGGAATTACCTGGCCCGCTGCCAGTTGCCAACTACGGCAATTC  
TGCTGCTGCGCAATATGCCTGACCACTATCCTAACCGGCCTTGGTCTGTCCATTCGACCCCCCGCCATTT  
GGTCTATCCCTCAACAACGGATGATCCAAAGACGCGGGTTATAACAGCCTCCTCCGTCACAGTGGAGGAT

GAATGGGTGACCTATGTCTGGACCGGCGCGCTGGCAGCAGGTGGCAACGGCCCCCTGACTGTGGAAAAA  
CGATCCTGGTCTGTGCCCTCCTGAACGAACATAAGCGGCTCAAGGATGAGAATGCAAGCCTTAAACTTGC  
CAAGGCGAATTTGGAGGTTGATAACACCACACTGCGGGTGGCGTCAGCGGCCATTACCAACTCGGCCCT  
CGCCGTTGCGCCTCCCTTGATCCTGGCACTCTTGCTGTGCTTTTCTCCCTCCTCACGACCTCGGCTG  
CCTTTGAAACCAGCTCTACCTCACGGAGCTATGCCCCTGAGGATATTGCTAGGCACTCTGAGGATTTGAA  
CACCTTTATTGAGAACGCTTTGAGGGTGAACCACACACGCTCCTACACAGAGTACACCTACCAACTGTAC  
GCCACACATGCTCAGACTTTCTTGACCGCATGGCCTTGACATTTAACACCTGGCAAGCTTATGATCCGC  
ACTTCTTTGCGAAAAACACCCTTGCAAAGTGCCTTCTGAGTGTCCCTCCAGTATGTAACACCCTGGACGTG  
GGAGATAGCCCTTACGGGCTTGGTATTGGCGCTCATGCTAGCGGAAAACTCTAGCCCTTGGTCGCTGCTC  
TACCTGGCCTGTGCTACTCTCACAAGGACCCGCTTTGCCCTCTTGGCCGTGGCGCCCTTCCAGACACGCT  
ACACGACGGCTGTCACCGTTGCCGCTCGGTGCTCTACGCACTCGACCCCTTGGTCGAGTGGCGTGCCT  
GGTGCTACACCTCTTTCTCCTGGCAGTGGTGGGGCTCTTCATGGAGGATACCTCCTATGTCCAAAACCTG  
AAGGGCGCCTTCCCTGCTGCTATGCGCCTTCTTCGGCCATGCCCTCTGTGCCCTCTTCGGAGTGAGCTCGG  
CGCCAGTCACAACACTAGCTGTTGCCCTGGCGGATCTGGCGGCTACTCTCTCGTGCCGGAACAACAGGCAC  
CGTGAGGTGCGCAATGAAGAAGGCAAGGTGGTCTCAAAAACAGACCACGCAACCCAACTTCTCTTCCGC  
TTCAAGCAGGCGTTGAGGAGGATGAGACAACCTCAGAACGACCCAGACCCCCCTAGCGCGCGTCAATCCTG  
ATGCGCTCTGCCACATCAGCGTGGCCGGGGCGAAAGGCACTGGCTTCTTTTGTGGTAACTACGCTGTGAC  
ATGTGCACACGTAGTCGGGAGTGAGACAGTCGTCAACCTGTGCTATAAAGGCCGTAACCTATCAGGCCCA  
GTGAAGAAAATCCTGGAGCAAAGGATGTGGCACTCATTCCCATACCTGCGGGGATAACACCACCCCGCT  
TGAAGATCTCCAAGAAGCACTGCTGCGACTGGGTCTGTGTCTGTGCCCCCGACGGTGATGGTGCCTACCT  
AACTGCTGTGACTGAGGGTTGCGAGCATGATGGTCACTACTCCTATGCCTGCCCCGACGCGGGATGGGATG  
TCTGGCGCTCCTCTGTTAGACATAGATGGCCATGTTCTTGGGATACACACTAACAACACTGGCTTACTG  
GTGGTGCCCAACGCCTCGACCTTGAGGACATAGTTGAAGCCCCCAAGCCAAATCCCAAGCAGCTCGCCCT  
CGAGAGGGAGATTGAAGAACTGAAAAAGCAGCTTGGCGCCCTGCAGCCTGAACCACCTAGGCCTGAGCCC  
GTGGCTGCCCCCTCCCTCACCCGTTGACCCCGCCCCCTAGTGGTTCCAACCTACCTGCCCCCTCCAGCCC  
CACCGGCACCAACTGTGGCCCTGCTCCTGTGGCCCCAGCCCTGTGGCGCACTATGTGGTCAAACCCAC  
CCAAATTCCACCTATGCAACAAAGCCTAACAACTAGTGATGTGGTGGATCTTGTGCGTGCAGCAATGGGT  
CGTGAGATGCAAATCCTGCGGGACGAGCTGAACCTGATGAATCAGGCTAAAGGGAAGACCAAACGTGGCC  
GTGGGAAGAAGCATAACCATCGGGGCTCGTGTGGTGGCCGTCGCAGACAGCGTGGGCTGCCTTACCAG  
GGAGGAGTACAAGGAGATGCTGGACCAAGGGATTGACCCCGATGAGATCAAGCGCCTAGCCGAAGACCTC  
TGGGAGGACCAGACTGGCTTCCCGGAGTGGAGTGACCCTGAGTTCTCTGATGAGGACGATGGTTGGACAC  
CAAAGACCCATGACTGGCTAGACTTTGATTATGAGGATGATTTGGAACAAACTTACGTCCCTGGTCCCTG  
GGCCAGAAATGCAAGATACCTCTCGTCGACTACGTCAAGAAGATCTTTGACAAAGGCTCCGTTGATGAG  
ATGTTACAAAATCTTGCCCTCTGGAGAAGAAGCTCTGTAGGAAACAACCTGAGGCCGTTGCCAGGCAA  
AAACTGATATCGAGCTCTCTGTTGCACTTGGCGCTTTGGATCGTCGTGCTGCCGATGTGGGCATGCAGCC  
CTTTACACCAGGGCTAGAGTATAAACAAGCTGTTCCAAAAACGCCAAGGGCCCCCGCAAGGGGGCAAAA  
GATCAGGGCTCGAAGACTGGAAAGAACTAAGGCAGCCCCCTTTGCGCTCCTGGTACCCAGCCTTACCC  
TGTTGTCTGCAGCTTACCCCTGGACCGGCCATCTATGACAACGATGAGCCTAAAGATCCACTTCTGGGG

GTGTTGCCACATGTAGACTATGAGGGTAACTTTGCACCAACAACCTGGGGAGGCGCAGCTTACGCGAAGA  
GTTTCGAGAAGTTCACGTATGCTCAACCTGTGGACTTCGAAAAGCACTATCCTGTAGAACTCAGTTTCGC  
TGACTGGGCCTGGCGAGTCCACCACGCTTACCTGGAAGGCACTCGGGTATGCCACATCATGTCTACAGAG  
AAAAATACCGACTCAACCCCTGCCTACCCCAAATGCCTGGACTACTCCACCGAGGCCGACTACCTAGAGG  
AACATGGCTGGGAGCCCTATGTCAACGCTTTCCGTGCCATTGACTCCGGGGAGCGGCCCCAGGTTCTCTG  
GTTCCCTCTTCTTGAAGAAGGAGATTCTCAAACAAGAGAAGATTTCGCGATTTCAGACATTCGTCAGATTGTC  
TGTTTCAGATCCCATCTATGCGCGGATCGGAGCTTGCTTCGAACAACATCAAAACCATCTCATGAAGCAAA  
AAACAGAGACCCATTCCGGGCAATGTGGCTGGTGCCCCCTGAAGGGGGGCTTTGAGGCAATGTGCCACCG  
TCTTGCCCTCTAAGCAGGGTGTCTTTGTGGAATTTGACTGGACACGCTTTGATGGAACAATCCCCGTACAA  
CTCTTCCGCAGGATAAAGAAGCTCCGCTGGTCCATGATTTGTCCCGAACATCAGCAGCGCTACGGGCACA  
TGTACCAGTGGTATGTTAACAATCTCTTGCACCGCTACACCGTGCTGCCCTCAGGTGAGGTGACCATCCA  
AACTCGTGGCAACCCCTCAGGGCAAATCTCAACAACAATGGATAACAACATGGTTAACTACTGGCTTCAG  
GCATTTGAGTTCTGCTACTTCTTTGGCCCTGATAAAGATCTCTGGCGGCAGTATGATACTGTCTGCTATG  
GTGATGACCGGCTTACGCGCTACCCTGTGCTACCACCCATTACATCGAGCGGGTGGTCGCCATGTACAA  
GGACATCTTTGGCATGTGGGTAAACCTGAAAAGGTGCGCGTTAGTGACACCCTGGTTGGTCTCACCTTT  
TGTGGCTTTAGAATAGGGGAGCACTATTTGCCCTATCTGCACAGGAAGACAAACTCTTTGCCGGCCTCG  
TCCGGCCAGTGAGGAAATTGGCTGACTTTAAAACACTCCATGGGAAACTCTTGAGCCTGCAGCTTCTGAT  
GCACTTCCACCCTCCGAGTCCCTTTAAGGACTACTTGGAGATGTGCTTGGCAAACACCGCCAAGTACTGC  
CCGGAACCTCCGGCGCGGTTTTTCAGAGCGTCAGATGGACAAGCTTTGGAGGGGAGGACCAAAGCTGTTC  
ATGGCTAAGGCCAAACAACAACAGAAAAATGCCACGACCGTCACTACTACAACGTCACTGGTTCGCAGTA  
GTCGGCGGTCTCGCAGGCGCTCTGTACGGCGCCGCGCTGCAGGCCCTTCTAACCCCCCAACAAAGACAAC  
AACTGTTCCGACTGTTTTTCGCCGCACTGCCCGCCTCGCGGTGATCGCCGCAGGAGTAGGAATGCTCAG  
CGGCAGGCTCCTCGCGAGGTTGTTTCAGACGGTTACGGCGACCCTCGGAACGGTTGGCGGAACCAGGGCA  
ATCAGGTTCGAGCTTGAGATGGCAGCGCTCCTCAACCCAGCGCTAATTAAAGAAACAACCTGGCTCAAACGC  
CTTCCGACCCTCCAGATGTATGCCTCCACGCATGCCATGTGGAAAGTGGATAGGCTCACACTCAAGCTC  
ACCCCTCTGGTCGGCGCCTCTGCTGTTTTCCGGTACAGCGGTCCGTGCCCTCACTGAATATGACATCTGGGC  
CCGCCGCGCCCGCTGGTCAGCCTTGGGCGCGCGAAGCATGTGGACACCAATCCTGGTTCGGCCGGCTTC  
CTTACCCTCACAGCCCGGATGTACCTGGCCCCAAGCAGGGTTGGTTCTTTACTAATACTAAGCAGGAG  
GCCGGCTTTACAGTCGGCGGGGCCATTGAGATCCATACCCTCGGCAAGACGATGTCAACCTACCAGAACT  
CAGCCTATACGGGCCACTCTTTCTTGGCGAGGTACAGGTACCTGGAGGTTAAGAACTACGAGCCCCA  
GCCCGGCTTGCTCAACCTCCTCAAGACCGAGGTTAAAGAGCCTGCGGGCACTGTGAAGGTACACTCCAAA  
CCTGGAGAACCTGTACGCTCTCCATCCCTCAAGCAGGGACCTTTGCTGGCCTAGAGAGGCTAAATCCAA  
CAGCCTCGGCCACACCAGGTGAGATCATCTGGGAGGTAGTGGATTCCGCTGCGAATGCGGTCTCCGGCTT  
GCTTCTCAACCTGGCAGTGGCTTTTTAAAGGCGGCTGGTTCTTCTGAAAAGAATTGCCAACCGGAAA  
CCTGTTGGTGCCGCCAGTGTGGCGGGTGAACCTGATGGAGGTGAAGTGAAGTACTTTCCGCGTGTACGCCAGTA  
TCGCGGATGCCCAGAATGATGTGCCCTGTATTGCCAGCTCGGCGGCCTCCACTCAATCCATACAGACGGA  
GGGTCTCAAGATCTCCAGGTGACTCCTGGGACCATTGGTATGCCTGAAACTGCAGTAGCCACACACAAC  
ATGGCTCCACCACCCGAGTCCGGACCCTATACCTATCAAGGGCCACCTTGGAGGCTGCTGCTCCTTTGC

ACGCCCCCAAGTATACACAGTGGACTATTGTAGATGCTGGTACCTCCCAGGAGCAGGCCCGCCTGCGCTC  
CGGGGTGGTCCCAGCAGAGCAGACCTCAGCCTGGTTCGAGCTGTACTCTGGAGCTCCCAGGCACCTTCCTC  
CAGAATATGTATGAGATTGATCCCCGTGATATTGCAGCCGGTACCTTTCCCATCAATCACTGGAACGTGA  
GCACCTCGCGGCTCACGCGGCTTGGCACCGCTACGGTTGCAATCAGGCGCGGGTCCGCACCTATGGGGA  
GGGAGTCCCGCATGTGGTTATCTCTACCACTTCTGTCTCTGGATGGCCGACGTTTCCACAGGGTGGAAAC  
TATGACAACTTCTCCGCTGCCATCTGGAATCCCATAGTGGTAGCTGGGCCAAACGTCCATGGGACTGAAC  
AGGGCATTCTCTCACCCGGGGAACCCTCAACTGGCCCCGGGGCGATAGGAATCGCTGGCCCTACCGCAA  
CCAGATTGAGAAGGGTCACTGGTATGTGACCTTCTGGACTCAGTACGATCCTGATGAGTGGGTCTGGTTG  
GATGAGTTCCATCTCCAGTTCACCTTGCAACCGGGCACGCACACCCCCACTGAAAACCATTAAGTGGGATG  
TAACAGCAGACAGCTTAGGTACTGGCCTCTGGGGCCTCCGGGACCTTGTGTTCTACCCAATAGGTACCCA  
GCCCAGGATAGTGATACCAAACACTGGGCCTACCAGCTCCCATGTGACCTTCGACCTCCCCCGGGTGAG  
GGCGAAGATTACTCTACAGATGAGGAAGGCGAGTCCGATGAGGGAGCTGAGGATGATGAAGGAAATCCCC  
TTGAATTTGACCACCCATTAGACGGCGATCTCTCGCAACCCCCCGCCGCTCTGAAAGATCTGACCTA  
CAAGGGGCGTAATCTCGCCAATGAATTGTGGAGTACGGGGGTGCCAGATGCGAAGGCCTGGCTGGCGGGA  
CAGACCATCGACCCGTCGCCATCCTTTCCCGCTGGCGAGAGACTTTTCAAAAAGCGCTCCAGCGTGGTG  
TAGCACCCCTGGAAGCGCATGAGCTCGCTACTAGCGAGTTCCTTGCTCAAAGAGAAAGCCGCGGCCACGC  
CGAGTAGGATCGAGGGTACAGCTTTCTCCCCTGCTTTTCTGCTTCTTTCTGTGCTTTGGTGTACTTTAG  
GGTGATATAATTGGCATAAAAATTGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

> **Astrovirus genome in mouse. Num. access in GenBank : NC\_015935.1.**

CCAAGTAAGACGTCATGGCCGTCCCCCTGGTGGTGCTGTTGGTTGCAATGCCCTTGACGCTGGTTTTAGC  
GTTAGGGACAACATCTGCTAGAAATAAGGGAGTTATGTTAAATTCATACACCATCAATAAGTATCAAGAC  
CTGATAGATGCCAATAGTGTGGTTGAATGGTTTAAATATACAGGTTAATGGAAATGATGAACCCGCATTTA  
CAGGCATAAAAGATGGTGATGCAGTTACCTATGTGCATTCCACTAAGGATAATGCCTGGATGTTGAATCC  
TACCATTTATCGCACGACTCCCATTATTATTTCTCAGCTTGCAAAACAGAACCAGGAACGGTTAACAGAG  
TTGAATGAGCTAAAACGTGAACTTTCACAGCTCAAAATGGAGTACGAAGTTGTAAAACATGACGCCGTGC  
GCTACCAGAAGTTGATTGAAGAACAGAAAAGCGTACGAACTCCATGGTTCACAAAGACACAATGGTTTTCT  
GCTATGTTGGATTGGATTATTAATTGGCTTCTCAATGTTACCATCAGCAAATGCTCAAGTTACTGGAACA  
AGAGATGTGATACCTTACTTGGCAGAACTCAAGATTACCTCAGAGACATGTTAAAGGATGCATTTAGAC  
AAGCTCGTGAACAAATTGAAGACATTGATTATACACAAATAATTAATTTTGCTCTTCATTCATGGCAGGT  
GCATGTGATAGCAACACTAGTTTTTTCTATAGTGCCTTATAAAAATATAACACCAACATTATGTACCATC  
TTGTTATCAATATGGAGTGGATTTGGTGTACTTACAGGTATAACCGTTGGGATTTTCAGACACACTTGAAA  
CCATTTTCATATGCAATTCTCCTAATTCTATTTCTTTGAATAAGTTCTTAGGATTGATTGTGTATGGTAG  
TGCAGCAATATTAGTTATTATTTCCAACGCAACAAATGGAGTTTTTGCATTTGACCCCTCCTTGGTTAGC  
TTTTTTAGTGTGTTATCCCCCTTATTGTACATATAGTTACAGATAACCTTAAAATACCTAAAGGGTATG  
TTATTTTGTGTTTATTGTGCATATAGGATTGTTTTTTTTTTAGTTAAACAACCTGAACATGTGTTAATAAA

AAATGAAGAAGGAAAAGTGGTTGAAACCAAGCCTTTTGTACCCAAAAAGAGTGCATTTGCTCGATTCTCT  
CAAGCACTTAAAAATTTTGTGCAAAAAACCGTACGAACTGGTGTTCACCTAGCTTCCAAATTCCTGCCG  
CAACCACCTTCAAAATTTAAACAACCTGAAGGTTATGGAAGTGCATTTAGGTTACAAAATTATATAGTAAC  
AGCTAAGCATGTTTGTGCAAGTGATGATATCGGTGAGGTGCATTTTGAAGGAAAGAAGTTGGCTGTCAAA  
TTGAAATGGAGGCATCCAACCTAAGGACGTTGCATATTTACATTACCAACAGAGATGCAGTGTGTTAAGC  
CCTTTAAAATTTGGAACTTCACTGATGGAGACTACTTGGCCATAGTACATAGGGACAATGATTATGTTAA  
ATTTGCTGTGCTAAAGGCGTTGTGGTTGACGATCAAATCACATACGCAGTACAGACAGCTGATGGTTCT  
AGTGGCTCTCCTGTCAATTAATACATCCGGTAAAGTCTGTGGTATACATGTTATTAATACTGGATTTGCTG  
CCGGGTGTGTAATGTTAGAGCAACATGATCTACCTGATAGTGTTC AACCAACTCCAAAGGAAGTTAATAT  
GGAACAAAATATGCTAGTACCAGATGTTGTGCGCTTGGTTCGTGAAGCAATAAAGAGAGAGATGGAAATC  
TTGCGGAAAGAATTGGCTATGCAAGAACTCGAGCAAAAAACGGAAAGGACGTAATAAATCATATAGAAGGA  
AAGGCAAAAAGAAGCGCAAAGTCTGGACAGAACAACAATATAGGGCTTTGCTTGATGAAGGTTTCACACA  
CGACGAGCTTGTGAAGATGGCAGAAGCTATACGTAATGAGGAGGATGAAGATATCGACTCTGGTGAAGAT  
GAAAATTACAATCCTTATGCTTATGATGGTTTTGATGGCCTAATTGAGGAAGTTGATGAAGATGAGATCA  
ATGAAATCTGGTTTTCAAAAAGACGGTGTCAAAACTAAATTTAAGCAGCTTTGGTATGAATTTAAGGCACC  
AACACCTTACACTCATCCAGAGCATATAAAGGATTGTTACATGGTTAATGTTGATGGTGGCCCTATTCAT  
CTTAAGAGTGAATCTACTGTTTCGTATTGCGAAGCGTATACAAGAGATCTTAGAATTTGCCTTTAATGAAA  
ATAAATGGAATCCAAACGTTGACAAAGAACTGTTTTGGACGAGTTACAGGCATTATATTATGATATAAA  
TTATGATCTCTACTTGC GCGACGGAATAACATTGTTCCAAGCTAAGCGACAGCAGCGTAAACAACAACAA  
CAACATCAACAACAACAGAACCAGAATCAACAACAGCAGCAACAACAACCATCAACGTCAAAAAACGTGA  
AACCCCCCAAAACCATCAGGGGGGAAGAGTACCACCAAATAGATGGTTGGAAAAAGTTTTTTGGAGCCT  
CCAATACCTAGATGGCTTATAACCAGATTCTCATCCTAGTATAGCTTTTATGGATATTGATAGACCAGTTA  
AAGATTTTACCATTCTAAAGATCCATTAGTTGGTCTCTTACCCAAGTATAAAGGAGAATTAATTTATGG  
TCCTACCATTTGGAATGTTGATGCCTATATTAAATCATTGATAAATTCGATTATGCAAAAAGAAGTTGAG  
AGAATTGATATTGAATATTCTAAAGAATTTAAGTTTTGCAATGTGGGCTCTAAAACGTGAATATGGGTTTT  
TACAAGACACTGTTATGATACCTATGGTTGCCACAGATAAAAAACCTTGATTCAACACCAGCTTTTCCAAA  
AGCATTTAAGTGGTCAACCGAATTAGAATATGTAGAAGAATTTGGCTTTACCAAATATATTGAAAACCTT  
GAAAGAATTAAGCTGGAGATAGACCAATACCGTTGTGGTATATGTTCCCTAAAGAAAGAAACATTA AAA  
CCCAAAGATTGAAAATGGTGATATACGTCAAATATTATGCACAGATACATCATATAATAGAATTGGGTT  
AATGTTTGAACAACATCAAAACCAACTTATGAAAGACCGAACTGAGTCACAGTTTGGCCAGTGTGGTTGG  
TGTCTTTTGAAGGTGGATGGAATCAACGAATGCAAAGGTTACAAAAATCTGGGAACAAATATATAGAAA  
TGGATTGGTCAAGGTATGACGGAACAATACCCGTCCAAGTTTTCAAATTAATAAAAACAATTTAGGTTCTC  
AATGTTGTCACCAGAATATAAAAACCTGAGTTAAATAGATCCATATATAAATTGGTATTGCCATCATCTTATT  
AATAGGTATGTTTTGTTACCATCTGGTGAAATTAATAACAAATTAAGGAAACCCATCAGGACAAGTGT  
CTACAACCTATGGATAATAATATGGTAAACACCTTCTTCAAGCGTTTGAATTTATATATGTAAATGATTT  
GAGTTACACCGAAGCAAAAAGAAAAATGGCGTAATTATGATACCTTAATATATGGAGATGACCGGCTAACC  
AGCACTCCTTGTGTTCCAACCTGATTACAAAGAGAAAGTAATAAAAATGTATAAAGATATCTTTGGTATGT  
GGGTTAAGCCAGAAAATGTTAAAGTGCAAGACAGTCTTGAGGGATTGTCATTTTGTGGGTTTACTAACGA



ACTTATTAGGGGTATTTATTTGCCTGTACCAACTAGTGCAAATAAATTAATAAGTAGCTTGGTTAAACCA  
CATAAAAAGTTACCATCTGCTGAAGCACTTTATGGAAAGATAATCTCTATTAAAATTCTCTGCCACAATT  
TGCCAGATAGTGACCCTGCTAAGCAATATATACTTCAATGTGAGCTTGCCATGAGGAAGCATCTTGACGA  
CGGCCGTCTCTAGTCAAATTTACAGACAAGATGCTTGATCTTCTTTGGAGGGGTGGACCAAGAGGAGAC  
AATGGCAGGCCCTTCTGATAAGAAGGTTGAAGCTAAGGTCAAGAGAGAGGTGGAGAAAGAAGTTAAGAAA  
GAGGTATCTAAAGAATTGGGCGCAAACCAAACAAAAGAATTGGCGTAGAAAAGCTTTCAAACGCAAAG  
AGAAGAAGGAGGAGAAAAGGATCAAAAAGGATGTTAAGAAATTTGCTGGTGGACCAAACCAAATTTGC  
AGTTAAAGTAACATCAACATTGGGCACAATTGGACCAAATGAAACCGATGGACCAGTTTTACAGCTTAGT  
TCATTTCTACACCCTAGCCTTGTTAAAGGTAAGGATGATGGCACTGCATTTGGCCCACTTCAAGCAGCAG  
CAGCACAATTTGGAATGTGGAGACTTTCCAACCTTGAAATTAGATTTACACCACTTGTGGTGGTTCTGC  
TGCAGCTGGCACTGTGACGCGTGCCTCACTAAACCTTTACAAAACACCATCTAATACTGGTTGGGGTGGGA  
CTTGGAGCCAGAAAACATCATGATCTTTCCATTGGACGTGGTTCAAATTGAAATTAATCGGGAAGATC  
TAAATGGTCCACGAAATGGTGGGTGGTGGTGCACCGATACAAATGTTGAAGGGAATCAGTCAGGTGGTCC  
TTTACTCGAAGTGCCTCACTTGGTACAACAACCTTCCACCTACAAGGATGCTGGATATACAGGCAACCTT  
TTCATCGTTGAACTCTTTGGTGGTGGGAATTTACAAATTATAATGCAAATCCCGCTCTTGGTGGTCTTT  
CTAAAACCACAGAGAAAGTGAATGCCAAAATTATCAGCGATCCAGAAGGTGTTGTGCAAATGCAAATACA  
AACACCAGCAGGCTCCAAAATGCGGTCCATCTTTGCAGATCCAACAGTAAAAGCTGAAGCACGAGGTGTT  
GGTGAATCATCTACCAACTTGTTAATACAACCTGCAGACCTCGTTGCCAATGCTGCACCGCCACCCTGGA  
ATTGGCTTGTGAGAGGTGGCTGGTTCTTTTTGAAGAAAATAGCTTCATCATCTAATGGTATTGATACGTT  
TAATGTTTATCCTTCACTTGCAGGATGCACAAAACAATAAACCTGCAATCTCAACCCAGAAAAACCACAAT  
GCTGAGTTACAAGAACAGGAGCTTACTGTTACACAGTTAATGCACCTAATCTTGGCGGAGGTACTCAGG  
TTGTGCAAGTCAAAGCAGCTTCTGGTGGAGATGTGTTCCCTATTAAACCAACTGGGGTGCCAAGGAATGA  
GTTCATACTCAATGCGTATGTAACACCAGTGTACATGCTCTCTAGTCCCTACAACCCTCGATTTCATAGAT  
TTTACATCTATTGTGGTAGGGAATAAGAAGTTTGCAGCAATGCACCTTCATGCGCAAAAATGTGCACTTAG  
TCCAATTTAATCAGGACCAACAGGTAGGATTTTACGATGTAAATGAACTACCAGTTGCACATGAGTTTGA  
ACTTGACCAGAGATGCATCCAGAATGGAACACAAGTAATGCAGGTAICTGCAAGTGCAACGGCCCCAATA  
GCAGCACTCAGTGGTGGTCAAATTTGGAGTCATACAGTGCTTTTGGAAAGCCAAAAGAATGAAGGTCCAGACT  
GGCAGACCCTTGATAATGCACAGGGTTCTTGGTGGAGACCAGGGAATAATCCTGGTGACAACCTGGACAAG  
GGCATGGAATACTGGAACTATACTACTCAGATTGATATGTTTAGGAATTTATTCTGACTAACTACCTG  
AGTAATGTAGCAAATCCTTTCCAACCTGGAAAGAGCTGAACCAGTTACCCAAAATTTTGTCCCTAATGGAG  
GGGGTAACTCCTTTTGGTCATTACAGGAGAGTCCATGGGCTCGAGGAGATCATAAATTAGTATCTGGACA  
AATGGAGATCCATCCCAAAAAATTGACAAAATTTGAAAAACTCTGCAAAAAATTGGGCATAGATCCATGT  
GACTTCGATGATGACAGCAGTTCCACCACAGACAATGATCCAGACTCAAGTGATGATGATGATTTTTGAAA  
ATGTGACAACAACAAGCACTCAGGAAAAAATTGAGACCTTGATGAGGATTGGGATAACACCTGAGGAAGC  
AAAGAAATTTGGTGCAGCTCGTGTAGTTAGGGTACACGTAAAAAGAGCCCTACAGCGGTTAAGCTACCGCT  
ATATAAATAGCTTAGGCCGGGAGGACCGGCAGAACCATGCAGAGTGGTTGCATGTAAAAAGAGACCACTG  
AGTTTGGAGTAACTCGATAAACATACTTAGTGGACGACACTATAAATCACCAGGAATCACCTGGTCTCTG  
CCGCGGCCACGCCTAGTCGGAACGAGGGTACAGCAGGGTCCCTAGCCATTTTAATCAGAATCAATTGG

CTAGGCAGTGGAGGAGATCGCCACTGCCATTTGATTTGACCCGCTCGCGGGTCAATTGATCCGTAAGCAT  
CAAAATCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

> **Astrovirus genome in sea lion. Num. access in GenBank : JN420359.**

TGATTGGCCACTGGCTGGTTAATAACTACTTGTTCACACTAGCTGTCAATAGATACTTAACCCATCATGA  
TTTCCGTACCACCCCTTCTACAGCTGCAAAGCTGATGAAGACATGGACTTTGGTAGTACCATGGCTCGCAG  
GCACATGACTAAGAACATGATTGATAACATGCCTGACTTTGAACCAGACACGCCACAATGCTATGACTGG  
GTCCTAAGAGGCCTTATCTTCCCCACAGTGGGTGAGCGCTACTTTGAGCGCGTGGTGGTTGTAACCTGGTG  
GACTCAAGGATGGTACTATGCGAGCTACTGCTATGAGTCTGATGAGTGGATCAGGGTTAATGACTTTAA  
ACATGTGAACCTCCTGAGAGTACTCCGACTTACATCAAGAAATAACGCTCTGAAGGAGCGTCTTAGGATC  
TCCCAGGATGAAAAAGCTACCCTTGCTCTTGATGTGCAGCTCCTCCAACATGAGAATGTGCGCCTTCGGG  
AACTTGTTCCTGAGAAGAAACCTAGGCTTATCCAAATGAAATGGATCATTCTCGGGGCTGTACTAACATT  
CCTGTGCGTGATCCCTGGTGGTTATGCACAGGAATACTCAAACCGTACCATTTTTACGGATATTGCCGAT  
GTTTGCAAACATTCTACTGAAACACTGGCTGAAAATTTGGAACCTCCGCATTAAACTTGCCTGGCTAATA  
TCACTTTTGCCGACAAGTACGATGCTGTCAAACAGTTGCTAGATCTGGCTTTCATCCCTAGAGTACATTG  
GATCAGAAGTGTCTTCTACTACGTGCGCTACTATGAACTTTGGAACATCTTTATGTTTATTCTTGCAGTT  
AGTACTGTGATGAGGAGCACACGCTCCTGGCACGGATCTGATAACCCTTGCAATATCGCACCTTTCTGGCT  
ATAGGATGGCTGTCTTACCAACAATAACCCTTCCACACTAGCTTTTACACTCTGGGTGATGAACACACTAAT  
GTTTGTGTACTTCTTTGATAACCTATTATCAACCACCTGGCAACTCTGGCACCTGCCTTGGAAATTGTT  
TTCTCTGCTTTATGGAAGATTCAAACATGTTGACCATGTCAAAGGGTTGCTGGTAACAGCTATCCTGA  
TTATTGGGGGACATGCATGCCTTGTCTAACAGGCGCTACAACCTTCACTTTTTGTGATAATCCTTGTCTT  
CCGATTTGTGCGCATGGCAGCAGTATTTGTTGGCACCAGATTTGAAATTCGTGATGCTAATGGGAAGGTT  
GTAGCCACTGTGCCAACTAGGCTAAGAAACGCAGCCTTCGGCTTCTTCCAGAACTTCAGGCAATCAGGTG  
TCCGCGTGGGTGTCAATGACTTTGTTATCATCAAACCAGGTGCATTGTGCATTATTGACACTCCTGAAGG  
GAAGGGAACCTGGCTTCTTCTGTGGTAATGACATTGTAACCTGCAGCACATGTTATTGGCAATAACACCTTC  
GTCAATGTCTGTTATGAGGGTCTCGTCTATGAGGCCAAAGTTAGATATACACCAGAGAAAGATATTGCAT  
TTCTAACTTGTCCAGGTGATCTTCATCCTAAGAATAGGCTTAAACTTGCAAAAAACCAGACTACAGTTT  
TGTCCTGTGATGGCCTATGTCAATGAGGATCTTGTAGTATCCACTGCTAGTGCAATGGTACATGGCAAT  
ACTCTTTCCTATGCCGTCCGTACACAGGATGGTATGTCTGGTGCACCTGTCTGTGACAGATATGGCAGAG  
TGCTTGCAGTACACCAAATAACTGGCTATACAGGTGGGGCTGTTATTGTTGAACCTAGTGACTTTCA  
CCCAGTGAAAGCACCATCTCAGGTTGAAACTCTCAAGGAAGAGATTGAAAAACTCAAAGCCCAGCTTGAA  
GCTAAAAATGAAACAAAGCCAGAACCAGAACAGCCAACAATGGACCAGAAGGTCGTCCATGATAGTGAAG  
TGGTTGAGCTTGTGAGAATGGCAATGGAGCGCGAGATGAAAATCTTGCGTGATGAGATCAACTCAATCCT  
CGAGCCCTTTGTTTCAAGAAGAAAAAAGGTAAAAACAAGCATGGCAGGGGGAAAGTTAGGCGCAATCTTAGA  
AGAGGTGTGAAACTGCTCACTGAGGAAGAATACCGGGAACCTTGGAGAAAGGACTTGACCGTGAAACTT  
TCCTTGATCTGATCGACCGGATCATCGGTGAACGTGCCGGCTACCCTGATTATGATGATGAGGACTTTGA

GGACGATGATGGCTGGGACATGGCTGGAAATGATGTAGAATTTGACTACACAGAAGTTATTGACTTCGGG  
CAGTCCAATGGTAAACAACACTAGAGGACGGACGCACTCTTCGCTGTGATCAGAAGAAGAAAGGAAAACCTG  
TCCCTGCGCCACGGAAGCCCAAGCCTGAACCCAAGCCTGAGCCAGTGCCTGAGCCAGAACCTCAGCCACT  
TGATCTGACTCAGAAGAAAAGGCAGCCTGACCCAAAGCCAGAACCACCAAAAAAAAAAAGAAGCCTCAGAAG  
CAGGAACCACAGGCCTACTCACAGACCTATGGTAAGGCACCAATCTGGGAATCTTATGACTTTGACTGGG  
ATGAGGATGATGCGAAGTATATCCTTCTGCACCACACCGGCTCACTAAAGCTGATGAGATCATCTTAGG  
CTCTAAGATTGTCAAACCTCAGAACCATCATTGAGACTGCCATCAAGACCCAGAATTATAGTGCCTCCCT  
GAGGCTGTCTTTGAACTTGACAAGGCGGCGTTTGAAGCAGGTCTAGAAGGATTCCCTCCAGAGGGTCAAAT  
CCAAGAATAAGGCTCCAAAAAACTACAAAGGGCCCCAGAAGACCAGGGGGCCAAAACTACCACTCACTA  
GATGCATGGCAGGGGATGCTGGAACCACCAAGAGAACGCAAATGTGTTCCAGCTAACTTCCCTTTGATAG  
GCCACTTACCAATAAATAGGCCTATCTATGATGCAAAAAAACCAAGAGATGACCTATTAGGACTTCTCCC  
AGAACCTGAGTGGAAAGCTTTTGAGGAATATGGACCTACCACCTGGGGGCCACAGGCTTTTGTAAATCT  
TTTGATAAGTTCTTCTATGCAGAACCAAGCAATTTTTTTGAGAATCATCCACGCCTCTGCGCCTTCGCGG  
ACTGGGCAACATAACCGGGAGTTTCGATTCTGGAAGATAACAAGGGTGATCCATATTACTGCTACAGAGAA  
GAACACTGACTCCACACCAGCCTATCCCAAGATGAACCACTTCAACACTGAAGAAGAGTATCTTGATGTA  
CACGGCTGGGCTCCTTATGTCAAGGAGTTTACAAGAGTCTTCAAGGGCGAGAAGCCGAAGTCTGTGGT  
ACCTTTTCTTAAAAAAGAGATCATCAAGGAGGAGAAAATCAAAAACTCTGACATCCGGCAGATTGTGTG  
TGCAGACCCCATCTATAACCAGAATTGGGGCGTGCTTAGAAGCACATCAAAATAGTTTGATGAAACAACAC  
ACTGAGACATCTGCCGGCCAATGTGGTTGGTCTCCAATGGAAGGTGGCTTTAAGAAAACAATGCAACGCT  
TAGTCAACAAAGGCAACAAATACTTTATTGAGTTTGATTGGACCCGCTATGATGGCACCATAACCACCAGC  
ACTCTTCAGACACATCAAGGAAATCCGCTGGAACCTTTATTAACAAGGAACAGCGTGAGAAGTACCGTCAC  
GTCCACGAGTGGTACGTGACAATTTGCTTAAACGCAATGTGCTTCTTCTTCTGGTGAGGTGACCGTAC  
AAACACGAGGGAATCCTTCAGGCCAATTCTCAACGACCATGGACAACAATATGGTCAATGTCTGGCTGCA  
AGCTTTTCGAGTTTGCATACTTCAATGGACCCAACAAAGAACTCTGGAAGAACTATGACACCATTGTATAT  
GGTGATGACAGACTCTCGACCCTCTGTGGTCCCAGACAACACTACGAGGAAAGAGTCATTGAAATGTACA  
GAGAAATCTTTGGAATGTGGGTCAAGCCAGGCAAGGTAGTCTGCAAAGACACCATTGTTGGTCTTTCTT  
CTGTGGGTTTACAGTCAATGAGGACCTTGAGCCAGTACCAACATCACCTGAGAACTTATGGCATCACTT  
CTCAAACCTTACAAAGTTTACCTGATCTTGAATCACTCCATGGGAAGCTCCTGTGCTACCAGTTGCTTG  
CTGCGTTTATGGCAGAAGACCATCCCTTTAAGGTATATGTAGAGCATTGCCTTTCAAGGACTGCTAAGCA  
GCTTCGTGACTCTGGCCTTCCGGCCAGACTCACAGAAGAGCAACTCCATCGCATCTGGAGGGGAGGACCA  
AAAAATATGCGATGGCTAGCAAGTCTGGCAAGCAGGTAACCTGTTGAGGTTAAAAATGAAAAACCAACAGG  
AGCAATTCTCGCGGCCGCTCACAAATCCAGAGGCCGCAACAAGACAGTCAAGATCACCGTCAATTCAAAGA  
AGCCAAGAAGTGAAACGGACGCGGTAAACGTGAATCTGGTCAGCGTGTCCGTGCAATTGTCAATAAACA  
ACTCAGGAAACAGGGTGTACAGGACCAAAAGTGTCAATTGAACAGCGGGCAACAGCAACACTCGGAACC  
GTTGGAGCCAACACCTCTGGGAAGTCAGAGCTTGAGGCGTGCTTCTTTTGTAAACCCGGTTCTTGTCAAGG  
ACAGTACAGGTTCTGCGGCTTTTGGCCCAGTTCAGATGCTAGGGGCACAGTACTCGCTCTGGAAGTTGAA  
GTACATCAATCTCAAATTGACACCGCTGGTTGGTTCTTCCGCAGTAACTGGCACAGCAGTCAGAGTGAGC  
CTCAATGCCACAGGAACACCATCCCAAACGGGGTGGTCAGGCTTGGGCGCTAGGATGCATATAGATGCCA

TAGTAGGGCGTCCTGCGGTGTTCAAACCTTCGAGCCAGCCAACCTAGGGGGTCTTAGAGAAGGCTGGTGGCT  
CACCAACACCAATGAATCCGCAGATTCCACCACCGGCCCTCCATAGAGATTACACTCTTGGCAAAACT  
GTATCTGCCTACAATAACAGTGAATTTTCAGGGTGGACTGTTTCTGGCTGAAATGCAGGCATTGTGGCAGT  
TTGCATCCTATGCTGCTAATCCTAACCTGGCATCACTTGAGAAGGACACTGATGATGTTTCTTTCTTT  
TACTGGCAATACAGGAGAACCCTTGTGATGGAAGCCCCTGAATCTTCACACTTTGCAAGAAAAGTAACA  
GAAAGGAGTATGATGCCTCTCTCCCGTGCAGCAGGAGATGACAAGCCTTCAGACACTGTGTGGCAAGTTG  
TCAATACAGCAGTCACAACAGCCGCTCCATAGTCCCAGCCCCCTGGGGCTGGTTGATTTTCAGGAGGCTG  
GTGGTTTGTAAAGCTATAACTGGGCATGCGATGCGAGATGGAGTGAGGACCTCAAGATTCATGGTCTAC  
GCAAGCTACCAGGACGCATTGAGCAACAAACCAGCCATTGTTACTGCCAACCTAACCCAGGGCGGTAC  
CACAAGCAACACCCTCAAAGCTTGCAATTCACACAGATGAATGAGCCATCAACTGGCTTTTCCAAACCAAT  
GGCTGTACCAGAATTGCCCCAGAACCACCTGTGACTGATGAGGTTTACCTCCATTGCTCACTCCACAAT  
GAATCCCAGCGAGCTTATCTCTTTAAAGAGTTCTTGGGTGGGCCCCCTTAGGGCTGGTATCTCACTCACCA  
GAAAATGCACCATCCGCTATGTGGCAAGAATTTTCAGACCACAAGGGTGTAGCCCTTACTGGCTGGACTC  
AAACCTTAACCCCATTAACCCACCAAGAGGGAACATGTCCATCTACTGGGGAAATGACCGCTGGGCCAAA  
GTGTTTCGCCTTTCAGCTACACTAGGGCAGATAATTACATTACTGCCGCATTTGCTTTTGGCTATGGAGGCTA  
ATCAGAGACTCACTCCCTCTAAGCAGTTTGCTCTTTCCCTTGCTGAAGGACACACAAACTACACTCTGAT  
AGATAGGGATAGACAGGGTGCAGCTTTTTCCCTCAACAGGGGTGTATGGTACCTTGGTGTTCATCTAC  
CCAACAACGGGCCAGGGATTTAAATGGGAAGAACGGGATCTCGCTGCTGCACAAAATGTAATACCATCAA  
CACATGAATTACTTTACTTCCCTCACTAAGTCTGGTTCAGAGCTCGTCATACCAATGATGAAGACCCACC  
CGAGGTGCGCGATGTAGCCGACATTGTCGAAGACTCCGCGCATCTCGCAACAATTGAGGAAGTACCTGAG  
ACAGATACTGAGACTGATGAAGATGATAACTCGTCTGATGAGGACGACCTCTTCTTTGAGTCTGATGCCC  
CCTCAGATGATGAGGTTGAGCGCAGACGTGAGCTGTTCTATACACAGCTTATTTCTTCAGGCATCCCCGA  
AGAGCAGGCCAACCATGCCGTAACCGTCTTTTCCAACCTGAGCGCGAACAGTATGAAAAGGGGGTGT  
CTTTGCGCACTTGCCGATGGGTTTCAGCCCACGGCAGGCACGCGCCGACGCTCGTGAGGCGACTGACGAGC  
ATTTCAAAGCCGAGGCCACGCCGAGTAGGATCGAGGG

### 13.2 PRUEBAS DE ESPECIFICIDAD DE ASTROVIRUS EN COMPARACIÓN CON EL GENOMA DE CONEJO (*Oryctolagus cuniculus*), VIRUS RNA CADENA SENCILLA, BACTERIAS Y PROTOZOARIOS EN BLAST.

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GTGGTTGACGTCACATACAATGGCG	25	64.74	52.00	8.00	2.00
Reverse primer	CAGGAGCACTCCATTGAGGTAACC	25	64.85	56.00	6.00	5.00

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCAAAGGTGGCGATGGCGCTAGAG	25	69.49	64.00	4.00	2.00
Reverse primer	ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	25	64.46	48.00	6.00	6.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de conejo (*Oryctolagus cuniculus*) de la región ORF1aMex1 y ORF1aMex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTGTA	25	61.60	44.00	14.00	10.00
Reverse primer	TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	25	65.75	52.00	5.00	5.00

Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTGTA	25	61.60	44.00	14.00	10.00
Reverse primer	TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	25	65.75	52.00	5.00	5.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de conejo (*Oryctolagus cuniculus*) de la región ORF1bMex1 y ORF1bMex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none

Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)

Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'>3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA	25	61.10	44.00	7.00	4.00
Reverse primer	CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCOCT	25	64.10	52.00	6.00	0.00

Input PCR template none

Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)

Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'>3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA	25	61.10	44.00	7.00	4.00
Reverse primer	CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCOCT	25	64.10	52.00	6.00	0.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de conejo (*Oryctolagus cuniculus*) de la región ORF2Mex1 y ORF2Mex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to *Oryctolagus cuniculus*)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCTTGACCACAATTGAAATCCAT	25	61.81	44.00	6.00	4.00
Reverse primer	TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	25	63.12	44.00	5.00	2.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de conejo (*Oryctolagus cuniculus*) de la región ORF2Mex3 y ORF1aMex1 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers Target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to ssRNA viruses)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG	25	69.49	64.00	4.00	2.00
Reverse primer	ACGCCTCGGTTGTAGCAACTAGAA	25	64.46	48.00	6.00	6.00

**Products on target templates**  
 > [F729316.1](#) Rabbit astrovirus TN/2208/2010, complete genome

product length = 1799

```

Forward primer 1 CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG 25
Template       1 ..... 25

Reverse primer 1 ACGCCTCGGTTGTAGCAACTAGAA 25
Template       1799 ..... 1775
  
```



Input PCR template none  
 Specificity of primers Target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to ssRNA viruses)  
 Other reports [Search Summary](#)

Detailed primer reports

**Primer pair 1**

	Sequence (5'->3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTGTA	25	61.60	44.00	14.00	10.00
Reverse primer	TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	25	65.75	52.00	5.00	5.00

**Products on target templates**

>JF729316.1 Rabbit astrovirus TN/2208/2010, complete genome

product length = 800

```

Forward primer 1  GGAAAATGGTCTCGAGCCATTGTA  25
Template        3096  ..... 3120

Reverse primer 1  TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC  25
Template        3895  ..... 3871
  
```

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de virus tipo RNA cadena sencilla de la región ORF1aMex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers Target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to ssRNA viruses)  
 Other reports > [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25	62.49	52.00	6.00	4.00
Reverse primer	AGAAGAGGGGGAGCCTCCTGCTTT	25	69.60	60.00	9.00	7.00

**Products on target templates**

> [JF729316.1](#) Rabbit astrovirus TN2208/2010, complete genome

product length = 1001

Forward primer	1	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25
Template	4496	.....	4520
Reverse primer	1	AGAAGAGGGGGAGCCTCCTGCTTT	25
Template	5496	.....	5472

> [JN052023.1](#) Astrovirus rabbit/Nausica/2008/ITA RNA-dependent polymerase (ORF1b) gene, partial cds; and capsid protein (ORF2) gene, complete cds

product length = 1001

Forward primer	1	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25
Template	555	.....	579
Reverse primer	1	AGAAGAGGGGGAGCCTCCTGCTTT	25
Template	1555	T..G..A.....	1531

Input PCR template none  
 Specificity of primers Target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to ssRNA viruses)  
 Other reports > [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25	62.49	52.00	6.00	4.00
Reverse primer	AGAAGAGGGGGAGCCTCCTGCTTT	25	69.60	60.00	9.00	7.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de virus tipo RNA cadena sencilla de la región ORF1bMex1 y ORF1bMex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers Target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to ssRNA viruses)  
 Other reports [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCTGGACCCACAATTGAAATCCAT	25	61.81	44.00	6.00	4.00
Reverse primer	TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	25	63.12	44.00	5.00	2.00

**Products on target templates**

>[JF729316.1](#) Rabbit astrovirus TN/2208/2010, complete genome

product length = 1170

Forward primer 1 CCTGGACCCACAATTGAAATCCAT 25  
 Template 5322 ..... 5346

Reverse primer 1 TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT 25  
 Template 6491 ..... 6467

>[JN052023.1](#) Astrovirus rabbit/Nausica/2008/ITA RNA-dependent polymerase (ORF1b) gene, partial cds; and capsid protein (ORF2) gene, complete cds

product length = 1170

Forward primer 1 CCTGGACCCACAATTGAAATCCAT 25  
 Template 1381 .....G..... 1405

Reverse primer 1 TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT 25  
 Template 2550 .....G.....A. 2526

do a [www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov)

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG	25	69.49	64.00	4.00	2.00
Reverse primer	ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	25	64.46	48.00	6.00	6.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de virus tipo RNA cadena sencilla de la región ORF2Mex3 y bacterias de la región ORF1aMex (NCBI, 2014)

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

[Detailed primer reports](#)

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GTGGTTGACGTCACATCAATGGCG	25	64.74	52.00	8.00	2.00
Reverse primer	CAGGAGCACTCCATTCAGGGTAACC	25	64.85	56.00	6.00	5.00

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

[Detailed primer reports](#)

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG	25	67.53	60.00	3.00	0.00
Reverse primer	ACCAGATGGTTGGTCCCTTCTGG	25	66.30	56.00	6.00	4.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de bacterias de la región ORF1aMex2 y ORF1bMex1 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGAAAATGGTCTCGAGOCATTGTA	25	61.60	44.00	14.00	10.00
Reverse primer	TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	25	65.75	52.00	5.00	5.00

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA	25	61.10	44.00	7.00	4.00
Reverse primer	CATAGCTCTGTTTTGGTCCTCCCT	25	64.10	52.00	6.00	0.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de bacterias de la región ORF1bMex2 y ORF2Mex1 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25	62.49	52.00	6.00	4.00
Reverse primer	AGAAGAGGGGGGAGCCTCCTGCTTT	25	69.60	60.00	9.00	7.00

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to Bacteriastrum jadrantum)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCTGGACCCACAATTGAAATCCAT	25	61.81	44.00	6.00	4.00
Reverse primer	TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	25	63.12	44.00	5.00	2.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de bacterias de la región ORF2Mex2 y ORF2Mex3 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

[Detailed primer reports](#)

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCAAAGGTGGCGATGGCGGCTAGAG	25	69.49	64.00	4.00	2.00
Reverse primer	ACGCCTTCGGTTGTAGCAACTAGAA	25	64.46	48.00	6.00	6.00

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
 Other reports [▶ Search Summary](#)

[Detailed primer reports](#)

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GTGGTTGACGTCACATCAATGGCG	25	64.74	52.00	8.00	2.00
Reverse primer	CAGGAGCACTCCATTCAGGTAACC	25	64.85	56.00	6.00	5.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de protozoarios de la región ORF1aMex1 y ORF1aMex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**[-] Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGGTAGGGGTGCCAAGAAAAGCAGG	25	67.53	60.00	3.00	0.00
Reverse primer	ACCAGATGGTTGGTCCCCTTCTGG	25	66.30	56.00	6.00	4.00

Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**[-] Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGAAAATGGTCTCGAGCCATTTGTA	25	61.60	44.00	14.00	10.00
Reverse primer	TCAAAGCCGCCATAAAAGGGTGACC	25	65.75	52.00	5.00	5.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de protozoarios de la región ORF1bMex1 y ORF1bMex2 (NCBI, 2014).



Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	AGATCCTGAAACAGGAGAAGATCGA	25	61.10	44.00	7.00	4.00
Reverse primer	CATAGCTCTGTTTTGGTCTCCCT	25	64.10	52.00	6.00	0.00

Input PCR template none  
Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
Other reports [▶ Search Summary](#)

**Detailed primer reports**

**Primer pair 1**

	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	GGATGTAAGTAGCCTCCATGGGAAG	25	62.49	52.00	6.00	4.00
Reverse primer	AGAAGAGGGGGAGCCTCTGCTTT	25	69.60	60.00	9.00	7.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de protozoarios de la región ORF2Mex1 y ORF2Mex2 (NCBI, 2014).

Input PCR template none  
 Specificity of primers No target templates were found in selected database: Nucleotide collection (nt) (Organism limited to uncultured protist)  
 Other reports [Search Summary](#)

[Detailed primer reports](#)

Primer pair 1						
	Sequence (5'→3')	Length	Tm	GC%	Self complementarity	Self 3' complementarity
Forward primer	CCTTGGACCCACAATTGAAATCCAT	25	61.81	44.00	6.00	4.00
Reverse primer	TCACCAATGCAGACAGTCAACAAGT	25	63.12	44.00	5.00	2.00

Muestra la especificidad de Astrovirus en comparación del genoma de protozoarios de la región ORF2Mex3 (NCBI, 2014).