

11/2012

Los rebecos pirenaicos, más sanos cuanto más diversos



Un nuevo pestivirus ha afectado a las poblaciones de rebeco del Pirineo catalán, causando mortalidades que llegan, en ocasiones, al 80%. Investigadores de la UAB han analizado el gen del complejo MHC de 81 rebecos provenientes de diferentes Reservas Nacionales de Caza, del Cadí a la Cerdanya-Alt Urgell, para establecer la relación entre la variabilidad genética y el impacto de la enfermedad. En general, los rebecos afectados tenían menos diversidad genética que los rebecos sanos. Así, junto con otros factores inmunológicos, epidemiológicos y ecológicos, hay que considerar la variabilidad genética al estudiar las infecciones víricas en las poblaciones de ungulados salvajes.

El rebeco pirenaico (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*) es un ungulado de montaña que habita en el Pirineo. Sus poblaciones están reguladas mediante la caza y se ven afectadas por varias enfermedades, como la queratoconjuntivitis y la pestivirus del rebeco, causada por un virus similar al de la enfermedad de la frontera de las ovejas. Esta última enfermedad ha diezclado la

población de rebecos del Pirineo catalán en los últimos años, causando mortalidades de entre el 40 y el 85%.

El complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) es un marcador sensible de la variabilidad genética de las poblaciones, y su estudio puede ayudar a entender como evolucionan las poblaciones de rebeco de las diferentes zonas del Pirineo catalán ante el aislamiento relativo y las enfermedades.

En este estudio analizamos el exón 2 del gen DRB del MHC de clase II de 81 rebecos pirenaicos provenientes de las Reservas Nacionales de Caza (RNC) de Cadí, Alt Pallars-Aran, Freser-Setcases y Cerdanya-Alt Urgell. Se identificaron 29 haplotipos, de los cuales 26 se describían por primera vez. La variabilidad genética fue mayor en la RNC de Freser-Setcases que en la de Cadí, y los rebecos afectados por pestivirus tenían en conjunto menos variabilidad genética que los rebecos sanos. Curiosamente, en la RNC de Freser-Setcases no se ha registrado mortalidad relacionada con la pestivirus del rebeco, a pesar de que el pestivirus que la provoca se ha aislado en esta RNC. Quizás la mayor variabilidad genética de esta RNC podría explicar la resistencia de esta población de rebecos a esta enfermedad, junto con otros factores inmunológicos, epidemiológicos y ecológicos.

Este estudio contó con el apoyo del proyecto de investigación CGL 2009-11631, del Ministerio de Ciencia e Innovación, y de la Direcció General del Medi Natural i Biodiversitat del Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural de la Generalitat de Catalunya.

Jorge Ramón López Olvera

jordi.lopez.olvera@uab.cat

Referencias

Cavallero S, Marco I, Lavín S, D'Amelio S, López-Olvera JR. "Polymorphisms at MHC class II DRB1 exon 2 locus in Pyrenean chamois (*Rupicapra pyrenaica pyrenaica*)" *Infect Genet Evol.* 2012 Jul;12(5):1020-6.

[View low-bandwidth version](#)