

Patógenos emergentes y ambientes perturbados: Detección molecular en la interfase animales domésticos-silvestres (Napolitano, C).

Constanza Napolitano, MV, PhD¹

¹Laboratorio de Ecología Molecular, Instituto de Ecología y Biodiversidad (IEB), Departamento de Ciencias Ecológicas, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Santiago, Chile.

gato.andino@gmail.com



Las enfermedades infecciosas son, junto con el éxito reproductivo y la depredación, uno de los conductores demográficos y evolutivos más importantes en poblaciones naturales, representando en muchos casos serias amenazas a la biodiversidad global. La perturbación humana del paisaje juega un papel crucial en la aparición de enfermedades emergentes al incrementar las probabilidades de contacto entre animales domésticos y silvestres, facilitando la transmisión interespecífica de patógenos. Los patógenos que más frecuentemente participan en dinámicas de cambio de hospedero (*host jumps*) son los virus RNA transmitidos por contacto directo. Entre ellos, el virus de la inmunodeficiencia felina (FIV) y el virus de la leucemia felina (FeLV) son dos de los patógenos más comunes que afectan el sistema inmune de gatos domésticos (*Felis catus*), siendo causas significativas de morbilidad y muerte. Durante las últimas dos décadas, se ha registrado que estos patógenos también infectan a especies silvestres de la familia Felidae. Recientemente se detectó mediante PCR y secuenciación de ADN proviral, infección con FIV y FeLV en poblaciones de güiñas (*Leopardus guigna*) -un felino silvestre amenazado- y gatos domésticos simpátricos en paisajes perturbados de la isla de Chiloé. Análisis filogenéticos de los subtipos virales detectados muestran una alta similitud nucleotídica entre especies, sugiriendo una transmisión interespecífica. Por otra parte, infecciones con gammaherpesvirus y micoplasmas hemotróficos han sido detectadas molecularmente en poblaciones de zorro chilote (*Lycalopex fulvipes*), un cánido críticamente amenazado y endémico del sur de Chile. Una menor diversidad genética descrita en poblaciones pequeñas y fragmentadas podría contribuir a que estas sean particularmente susceptibles a patógenos emergentes, resultando en epidemias que causen extinciones locales amenazando a especies con problemas de conservación. En este contexto, es de interés estudiar particularmente la diversidad genética funcional de genes responsables de la respuesta inmune adaptativa, como los del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC). Animales domésticos simpátricos actuando como hospederos reservorios son capaces de mantener una población de patógenos relativamente alta, planteando riesgos de transmisión para las poblaciones silvestres que habitan los mismos ambientes. Sin embargo si estos patógenos realmente están causando enfermedad y/o mortalidad en las poblaciones silvestres que infectan ha sido sujeto de debate. Futuras investigaciones deberían esclarecer la real patogenicidad de estos agentes infecciosos y su impacto para la sobrevivencia a largo plazo de poblaciones de carnívoros amenazados. Debido a que la deforestación y el avance de las poblaciones humanas hacia hábitats naturales están en aumento, el consiguiente contacto y exposición de animales silvestres con patógenos de animales domésticos será una amenaza cada vez mayor. En el contexto global de enfermedades emergentes y creciente perturbación humana de los paisajes naturales, la detección y análisis molecular de patógenos nos puede ayudar a entender los procesos y mecanismos subyacentes en la interfase animales domésticos-silvestres.

