EL ARTÍCULO APARECE PUBLICADO EN 'JOURNAL OF AVIAN BIOLOGY'

Detectan genes clave para el estudio y tratamiento de la malaria aviar

La malaria aviar es una enfermedad mortal para las aves si sus defensas no han evolucionado para combatir la enfermedad. Un grupo de investigación, liderado por el Museo Nacional de Ciencias Naturales, ha sido el primero en caracterizar los genes MHC-1, que activan el sistema inmune, en el herrerillo común. El estudio permitirá encontrar soluciones a esta enfermedad que afecta a numerosas especies de aves europeas.

MNCN-CSIC 17/5/2016 10:30 CEST

Herrerillo común, *Cyanistes caeruleus*, la especie modelo estudiada. / Ángel M. Sánchez

Investigadores del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) han estudiado la relación entre los genes MHC-I, un grupo de proteínas que se encarga de la activación del sistema inmune, y las infecciones que provocan en las aves los parásitos sanguíneos *Haemoproteus* y *Leucocytozoon*. La investigación ayudará a buscar soluciones a la malaria aviar, una enfermedad que actualmente afecta a numerosas especies de aves europeas.

Los genes MHC-I participan en la regulación del sistema inmune adaptativo desempeñando un papel muy importante en los tratamientos de cáncer, resistencia a enfermedades o trasplantes en humanos. “Se trata de proteínas que podríamos llamar llave porque reconocen la llegada de

proteínas extrañas al cuerpo y proceden a su eliminación mediante la activación, o no, del sistema inmune", explica el investigador del MNCN Santiago Merino.

"Hemos podido comprobar cómo la infección es más severa cuando afecta a individuos más jóvenes", dice el investigador

Esta investigación, publicada en *Journal of Avian Biology*, se ha llevado a cabo con una población de herrerillos comunes (*Cyanistes caeruleus*), una especie modelo en ecología evolutiva. "Nuestro grupo lleva varios años estudiando estos genes dentro del campo de la ecología lo que nos ha permitido responder a temas relacionados con la evolución o la parasitología en aves", continúa Juan Rivero, investigador del MNCN cuando participó en el estudio.

Los análisis realizados han revelado que la intensidad de la infección por *Leucocytozoon* varía en función de la edad del ave y la versión del gen o alelo del MHC activado en cada caso. "Si bien no hemos encontrado relación en la activación de estos genes para *Haemoproteus*, si la hemos detectado con *Leucocytozoon.* En este segundo caso, hemos podido comprobar cómo la infección es más severa cuando afecta a individuos más jóvenes que además portan el alelo UA117 pero es más débil en adultos con el alelo UA104", explica Merino.

En la naturaleza las aves están sujetas a muy diversas infecciones y los individuos con el conjunto de genes más apropiados para controlar las infecciones más importantes en cada población son los que tendrán más probabilidades de sobrevivir. Las relaciones observadas en la población estudiada evidencian que los genes MHC-I no se relacionan con la eliminación total de los parásitos sino con el control de la infección.

Referencia bibliográfica:

Rivero-de Aguilar, J., Westerdahl, H., Martinez-de la Puente, J., Tomás,

G., Martínez, J. y Merino S. (2016). "MHC-1 provides both quantitative and susceptibility to blood parasites in blue tits in the wild". *Journal of Avian Biology*. DOI: 10.1111/jav.00830

Derechos: **Creative Commons**

TAGS | MALARIA AVIAR | PARÁSITOS SANGUINEOS | GENES MHC-1 | SISTEMA INMUNE |

Creative Commons 4.0
Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. Lee las condiciones de nuestra licencia