

DIFERENCIAS ENTRE LOS EFECTOS PRODUCIDOS POR AMBAS VARIANTES DEL VIRUS DE LA ENFERMEDAD HEMORRÁGICA DEL CONEJO A NIVEL POBLACIONAL

M. Mendoza¹, M.P. Sarto¹, A. J. Calvo², F. Monroy², J. H. Calvo^{1,3}, C. Calvete¹

¹CITA, Avda. Montañana 930 50059 Zaragoza, manuelmendoza@outlook.com; ²TRAGSATEC (Grupo Tragsa), Gerencia de Sanidad, Seguridad Alimentaria y Salud Pública, C/ Julián Camarillo 6 28037 Madrid; ³ARAID, 50004 Zaragoza.

Desde su aparición a finales de los años 80, la enfermedad hemorrágica del conejo (RHD) se estableció como uno de los factores más influyentes en la dinámica poblacional del conejo silvestre *Oryctolagus cuniculus*, sobre todo en la península Ibérica, donde es una especie clave para el mantenimiento de los ecosistemas (Delibes-Mateos et al., 2008). En 2010, fue aislada una nueva variante del virus en Francia (Le-Gall Reculé et al., 2011), que llegó a nuestro país al año siguiente. Esta nueva variante es en realidad un virus diferente (RHDV2/b), que al contrario que el virus clásico, es capaz de afectar a los gazapos en edades tempranas e incluso a individuos previamente inmunizados frente a la enfermedad clásica (Dalton et al., 2012; Le Gall Reculé et al., 2013).

La realización de dos estudios epidemiológicos con poblaciones de conejo silvestre en semilibertad entre los periodos 2008-2011 y 2013-2016 ha permitido obtener datos antes, durante y después de la irrupción de la nueva variante.

Los resultados sugieren cómo la productividad (nº juveniles/hembra reproductora) podría haber disminuído hasta un 50% desde la irrupción de la nueva variante, así como cambios en la estructura poblacional de las poblaciones, alterándose las proporciones de las diferentes clases de edad, viéndose una marcada disminución del reclutamiento de gazapos. Además, parece haber una distribución de los casos de mortalidad a lo largo de un periodo más amplio del año, mientras que con el virus clásico solía centrarse en el periodo reproductor.

En conclusión, es posible que la nueva variante tenga un impacto mayor o adicional al que existía con la variante clásica y debido a los posibles cambios en la epidemiología de la enfermedad se recomienda continuar y realizar nuevos estudios sobre la misma.

Estos resultados derivan del desarrollo de los proyectos de I+D “INMUNE 8011” e “INMUNIZADOS 1316” realizados en el marco de un convenio de colaboración entre el CITA y TRAGSATEC, así como del proyecto de investigación E-RTA2014-00009-00-00 del INIA.

Referencias

- Dalton, K. P., Nicieza, I., Balseiro, A., Mugerza, M. A., Rosell, J. M., Casais, R., ... Parra F. 2012. Variant Rabbit Hemorrhagic Disease Virus in young rabbits, Spain. *Emerging Infectious Diseases*, 18, 2009-2012. doi: 10.3201/eid1812.120341
- Delibes-Mateos, M., Delibes, M., Ferreras, J., & Villafuerte, R. 2008. Key role of European rabbits in the conservation of the Western Mediterranean basin Hotspot. *Conservation Biology*, 22, 1106-1117. doi: 10.1111/j.1523-1739.2008.00993.x
- Le Gall-Reculé, G., Zwingelstein, F., Boucher, S., Le Normand, B., Plassiart, G., Portejoie, Y.,... Marchandeau, S.. 2011. Detection of a new variant of rabbit haemorrhagic disease virus in France. *Veterinary Record*, 5, 137-138. doi: 10.1136/vr.d697
- Le Gall-Reculé, G., Lavazza, A., Marchandeau, S., Bertagnoli, S., Zwingelstein, F., Cavadini, P., ... Capucci, L. 2013. Emergence of a new lagovirus related to rabbit haemorrhagic disease virus. *Veterinary Research*, 44, 81. doi: 10.1186/1297-9716-44-81