

Secuenciado el genoma de un mosquito Culex, clave en la transmisión de enfermedades

Con este avance, el equipo científico internacional encargado completa los genomas de referencia de los tres géneros del insecto que transmite más enfermedades

30/09/2010 | Actualizada a las 20:01h | Ciudadanos

Barcelona. (EFE).- Un equipo científico internacional, con representación de investigadores españoles, ha logrado secuenciar el **genoma del mosquito Culex**, un género de insecto muy extendido incluso por zonas templadas y clave en la **transmisión** a humanos de **enfermedades** como la encefalitis del Nilo o la elefantiasis.

Hasta ahora, se había secuenciado el genoma de los mosquitos Anopheles y Aedes, y con la del Culex quinquefasciatus -el de mayor distribución geográfica y formado por más de 1.200 especies distintas descritas- se completan los genomas de referencia de los tres géneros del insecto que transmite más enfermedades.

El conocimiento en profundidad del genoma de este mosquito abre la puerta para entender su biología, como por ejemplo, las razones genéticas de su extensa distribución, su gran capacidad olfativa y gustativa, que le permite detectar y alimentarse de muy diferentes tipo de presas, e intentar reducir su influencia en la transmisión de enfermedades, muchas de ellas mortales.

El científico José Tubio, uno de los investigadores participantes en este estudio que actualmente desarrolla su trabajo en el Centro de Regulación Genómica de Barcelona, ha explicado a Efe que el Culex es uno de los tres mosquitos más importantes desde el punto de vista sanitario.

Este insecto hematófago (que se alimenta de sangre) puede transmitir con sus picaduras los parásitos que provocan enfermedades como la encefalitis o la elefantiasis. Al estar muy presente en zonas templadas de países desarrollados como Estados Unidos o Canadá, el impacto sanitario de este mosquito afecta a unos 120 millones de personas en todo el mundo, señala Tubio.

Este investigador indica que a corto y medio plazo la secuenciación del genoma y la identificación de sus genes y otras estructuras del genoma permitirá obtener insecticidas específicos para controlar la propagación de este insecto y las enfermedades que lleva asociadas.

A largo plazo, añade Tubio, el objetivo es intentar identificar qué mosquitos son transmisores y cuáles no, para tratar de reemplazar en la naturaleza los mosquitos que los transmiten por aquellos que no los transmiten, aunque para ello deberán determinar los genes implicados en la transmisión de los parásitos.

El trabajo, publicado por la revista Science, describe que el genoma de Culex quinquefasciatus está formado por 18.883 genes que codifican para proteínas y es un 22% más grande que el de Aedes aegypti y hasta un 52% más grande que el de Anopheles gambiae, una diferencia atribuible a la expansión de algunas familias de genes, en concreto las relacionadas con receptores gustativos y olfativos.

El análisis detallado de las familias de genes sirve para explicar algunas de sus ventajas evolutivas entre ellas su propagación geográfica. En el caso de las familias relacionadas con la eliminación de sustancias de síntesis, podría indicar, por ejemplo, la mejor adaptación de las larvas de este mosquito a zonas contaminadas e incluso su resistencia a insecticidas.

El Culex es también el díptero con más receptores para el olfato estudiado hasta el momento lo que, junto a su gran variedad de receptores para el gusto, le ayudan a detectar y alimentarse de diversos tipos de presa, desde pájaros a ganado, pero también del hombre. Este género cuenta asimismo con un amplio abanico de proteínas que estarían vinculadas a la capacidad del mosquito para chupar la sangre sin que el huésped se dé cuenta.

Los mosquitos son los principales vectores de enfermedades humanas, especialmente en zonas templadas y tropicales, responsables de la transmisión de la malaria (Anopheles), el dengue y la fiebre amarilla (Aedes) o diversos tipos de encefalitis y filariasis linfática (Culex, Aedes, Anopheles), entre otras.

El proyecto de secuenciación del genoma de Culex quinquefasciatus ha sido liderado por investigadores de la Universidad de California y ha contado con la participación del grupo Bioinformática y Genómica del Centro de Regulación Genómica (CRG), dirigido por Roderic Guigó. En el trabajo también han participado otros investigadores españoles del citado Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), la Fundación Pública Galega de Medicina Xenómica y la Universidad de A Coruña.

... [Este artículo forma parte de la serie de artículos de la Fundación...](#)