

## PUBLICIDAD

Gana el bonus de 100% hasta \$400 y juega [poker online](#) en Pacific Poker.

# Secuencian el genoma del mosquito que propaga el virus del Nilo Occidental

02/10/10 | por **SINC** | Sección: **Ciencia y tecnología**

Un equipo internacional de científicos de 37 instituciones, con participación española, ha secuenciado el genoma de *Culex quinquefasciatus*, el mosquito que transmite la enfermedad del Nilo Occidental. Junto a la secuenciación de los genomas de otros dos mosquitos (el que transmite la malaria y la fiebre amarilla y el dengue), el estudio, que se publica en *Science* esta semana, permitirá encontrar nuevas estrategias para la lucha contra esta enfermedad.



El proyecto, liderado por investigadores de la Universidad Riverside de California (EE UU) y que se inició en 2004, tiene como objetivo comprender la configuración genética del mosquito *Culex* y cómo éste transmite a través de su picadura los virus, como el del Nilo Occidental que el año pasado infectó a 720 personas en EE UU. Estos insectos, que se alimentan primero de aves infectadas, tienen el virus localizado en sus glándulas salivales.

“Las hembras de mosquitos se alimentan de la sangre de pájaros, ganado y seres humanos. En los pájaros la proliferación del virus alcanza frecuentemente títulos muy elevados. Si la sangre de un animal enfermo sirve de alimento a un mosquito, y ese mosquito -o alguno de sus descendientes- más tarde ‘pica’ a un ser humano, el virus puede saltar la barrera entre las especies”, concreta a SINC Horacio Naveira, coautor del estudio e investigador en la Universidad de A Coruña.

El estudio minucioso del genoma podría dar las claves para fijar como objetivo los genes *Culex* específicos involucrados en la transmisión del virus del Nilo Occidental, la encefalitis de San Luis, la filariasis linfática y otras enfermedades propagadas por este grupo de mosquitos. El conocimiento de estos genes representaría un paso importante hacia el desarrollo de estrategias para combatir la propagación de estos patógenos.

“Con la secuencia de *Culex* ya disponemos de una amplia biblioteca de genes para el estudio comparativo de genomas en mosquitos. Esperamos que el estudio de estos

genomas nos dé la llave para entender a fondo la biología de los mosquitos y así poder reducir su actividad como vectores de tantas enfermedades”, señala Roderic Guigó, coautor del estudio y jefe del grupo Bioinformática y Genómica del Centro de Regulación Genómica (CRG).

Según Naveira, los síntomas del virus del Nilo Occidental son “parecidos” a los de una gripe (fiebre moderada, dolor de cabeza, fatiga, dolor muscular y de articulaciones, escozor de garganta, etc.). Sin embargo, en un 15% de los casos se convierte en una severa encefalitis (asociada a rigidez de cuello, vómitos, convulsiones, pérdida de consciencia y coma), dependiendo de la cepa del virus, la edad y el estado inmunológico del paciente.

“En los casos más graves, que representan aproximadamente un 17% de los pacientes diagnosticados (generalmente en personas de más de 50 años), puede llegar a ocasionar la muerte”, especifica el investigador coruñés que añade que en España sólo hay un caso diagnosticado en 2007. “Diversas pruebas serológicas demuestran exposición reciente al virus en poblaciones del sur de Galicia, delta del Ebro y entorno de Doñana”, afirma Naveira.

### Tres genomas de mosquitos secuenciados

Los genomas de *Anopheles gambiae* (que transmite la malaria) y *Aedes aegypti* (que transmite la fiebre amarilla y el dengue) se publicaron en 2002 y 2007, respectivamente. Con la secuenciación de *Culex quinquefasciatus*, los científicos han completado ahora el triángulo de la secuencia del genoma de tres géneros de mosquitos, vectores principales de enfermedades mortales para los humanos.

“Ahora podemos comparar y contrastar los genomas de los tres mosquitos e identificar no sólo sus genes comunes sino también lo que es único en cada mosquito”, explica Peter Arensburger, coautor del estudio y entomólogo asistente de investigación en el Centro para la Investigación de los Vectores de Enfermedades y en el Departamento de Entomología de la Universidad de Riverside (EE UU).

“Con el genoma secuenciado de *Culex*, podemos empezar a identificar qué genes de mosquito se activan o se desactivan en respuesta a la infección; conocimiento crítico para desarrollar estrategias con el fin de prevenir la transmisión del virus del Nilo Occidental y otros vectores de la enfermedad”, añade el investigador.

### Describir el genoma de *Culex quinquefasciatus*

El genoma del *Culex quinquefasciatus* tiene un tamaño de 579 millones de nucleótidos, a medio camino entre el genoma de *Anopheles gambiae* (278 millones de nucleótidos) y el de *Aedes aegypti* (cerca de 1.380 millones de nucleótidos). Sin embargo, *Culex quinquefasciatus* tiene un número mayor de genes (18.883 genes) que *Anopheles gambiae* (12.457 genes) o *Aedes aegypti* (15.419 genes).

“No sabemos el porqué de esto. *Culex quinquefasciatus* está muy extendido por todo el mundo; la misma especie se ha encontrado en California y en Sudáfrica. Es posible que el gran número de genes del mosquito le hayan ayudado a sobrevivir en una gran variedad de hábitats”, declara Arensburger. No obstante, *Culex quinquefasciatus* guarda más parecido en su genoma con *Aedes aegypti* que con *Anopheles gambiae*.

De las más de 1.200 especies descritas de mosquitos, *Culex* es el más diverso y

geográficamente extendido de los tres géneros de mosquitos. El individuo adulto mide de cuatro a diez milímetros, y sólo las hembras propagan la enfermedad.

Las enfermedades transmitidas por *Culex*, como el virus del Nilo Occidental, son complejas de erradicar ya que las aves y animales de los que se alimenta el mosquito se desplazan, por lo que son capaces de propagar rápidamente la enfermedad por grandes zonas. El virus del Nilo Occidental apareció por primera vez en EE UU durante el verano de 1999. Desde entonces se ha detectado en los 48 Estados contiguos.

---

### Referencia bibliográfica:

Arensburger, P. et al. "Sequencing of *Culex quinquefasciatus* Establishes a Platform for Mosquito Comparative Genomics". *Science*, 1 de octubre de 2010 DOI: 10.1126/science.1191864.

Fuente: SINC

## • PUBLICIDAD

Recibe 70 Euros gratis en tus [apuestas deportivas](#) en 888sport, la nueva casa de apuestas de 888.com

## Comparte este artículo

 Comentarios cerrados

 [Andalucía](#) [Aragón](#) [Baloncesto](#) [Barcelona](#) [CCOO](#) [CDS](#) [CDS EXTREMADURA](#) [Celestino](#)  
[Corbacho](#) [Centro democrático y Social](#) [Ciclismo](#) [Cine crisis](#) [cultura](#) **[Deportes](#)** [Desempleo](#)  
[Economía](#) [empleo](#) [España](#) [España](#) [Europa](#) [Europa](#) [Extremadura](#) [Fútbol](#)  
[Hispanoamérica](#) [Industria](#) [Madrid](#) [Ministerio de Economía](#) [Ministerio de Industria](#)  
[Ministerio de Trabajo](#) [música](#) **[Noticias](#)** [poesía](#) [política](#) [PP](#) [Real Madrid](#) [relatos](#)  
[Seguridad Social](#) [Sindicatos](#) [Solidaridad](#) [Tenis](#) [trabajo](#) [Turismo](#) [UGT](#) [Venezuela](#) [Zapatero](#)

