



XXII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CE-087 (ID: 535)

Autor: Stechina, Ornella Sofia

Título: Datos preliminares de la infección de *Culex bidens* y *Cx. spp.* (Culicidae) con Flavivirus Específicos de Insectos (Flaviviridae).

Director:

Palabras clave: Flavivirus, Chaco, Culicidae

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Cofinanciadas Doctorales

Periodo: 01/04/2014 al 31/03/2019

Lugar de trabajo: Imr - Instituto De Medicina Regional

Proyecto: (14L002) Eco-epidemiología de *Stegomyia albopicta* (Diptera: Culicidae) en el noreste de Argentina.

Resumen:

Los virus del género Flavivirus (familia Flaviviridae) se clasifican en virus transmitidos por mosquitos (MBV), virus transmitidos por garrapatas (TBV), virus vector desconocido (NKV) y flavivirus específicos de insectos (ISF). Los flavivirus específicos de insectos (ISF) se caracterizan por infectar de forma natural a los mosquitos y replicar en células de mosquitos in vitro, pero no parecen replicarse en las células de vertebrados o infectar a los seres humanos u otros vertebrados.

Debido a que infectan las mismas especies de mosquitos que actúan como vectores de Dengue, West Nile, Fiebre Amarilla, sumado a la relativa similitud genética, algunos estudios demostraron que mosquitos infectados con ISF podrían tener un potencial efecto modulatorio en la replicación de ciertos MBV. En el marco del estudio para la detección de arbovirus de mosquitos capturados en el Parque Provincial Pampa del Indio, de la localidad homónima, (Chaco), fue de nuestro interés secuenciar y analizar las relaciones filogenéticas de flavivirus específicos de insectos, que fueran detectados durante dicha investigación.

A partir de los mosquitos colectados se conformaron pools de 1 a 50 individuos por especie, sexo y fecha de colecta. La detección de Flavivirus se realizó utilizando la técnica RT-PCR Nested genérica, con primers específicos para la región NS5 del genoma (Sánchez-Seco et al. 2005). Se procesaron 3055 mosquitos (243 pools) 17 resultaron positivos: *Culex bidens*, *Cx. spp.*, *Hg. spegazzini*, *Porophora cyanescens*, *Ps. (Jan) spp.*, *Mansonia titillans Ma. spp* *Oclerotatus stigmaticus* y *Oc. scapularis*. Los productos amplificados de la RT-PCR fueron enviados a secuenciar. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con bases de datos públicas (BLASTn), y las secuencias representativas de flavivirus se utilizaron para el análisis filogenético. Para alinear todas las secuencias y obtener un primer árbol filogenético se utilizó el software MEGA versión 4.0 (Tamura et al. 2007) que utiliza el método de Neighbour Joining (NJ) basado en matrices de distancia entre taxones (Bootstrap=1000).

El árbol filogenético obtenido agrupó las secuencias con Flavivirus de *Culex* (CxFV). Este resultado corrobora la hipótesis de que cada flavivirus de insecto se mantiene en un hospedador invertebrado específico, debido a que las secuencias analizadas en este trabajo se obtuvieron de mosquitos *Culex spp.* Sin embargo, ya que solo secuenciamos segmentos parciales del gen NS5, no podemos descartar la posibilidad de que se hayan integrado al genoma del mosquito segmentos del genoma del virus como lo describe Crochul (2004). Se necesitan más estudios que permitan secuenciar regiones mayores del genoma del virus y/o pruebas experimentales con infecciones en mosquitos, y de esta manera aportar mas información sobre la relación de estos ISF con la microbiota del mosquito.