

Título: “Monitoreo del virus de la fiebre amarilla y otros arbovirus en mosquitos de la ciudad de Puerto Iguazú, Misiones.”

Alumno/a: MELISA ELIZABETH MATTIOZZI

Director/a: Dra. Silvina, Goenaga

Fecha de defensa 1/11/2016

RESUMEN

Los arbovirus (del inglés *ARthropod BORne VIRUS*) son virus transmitidos por artrópodos que infectan hospedadores vertebrados mediante la transmisión biológica por la picadura de artrópodos hematófagos (vectores) tales como mosquitos, garrapatas, simúlidos, culicoides y flebótomos. Los arbovirus incluyen una amplia variedad de virus entre los que se encuentran: virus del género *Flavivirus* (familia *Flaviviridae*) tales como el virus de la Fiebre Amarilla (YFV), el virus del Dengue (DENV), virus de la Encefalitis de San Luis (SLEV), virus Zika (ZIKV), el virus West Nile (WNV) y *Culex Flavivirus* (CxFV), y virus del género *Alfavirus* (familia *Togaviridae*), entre ellos, el virus Chikungunya (CHIKV) de reciente entrada al continente americano. El presente trabajo tuvo como objetivo general realizar una actividad de vigilancia del virus de la Fiebre Amarilla y otros arbovirus en mosquitos capturados en ambientes peri-urbanos (peridomicilios) y urbanos de la ciudad de Puerto Iguazú, Misiones, durante los años 2013 al 2015 en los meses de diciembre a mayo. Para la búsqueda de los genomas virales se realizó la extracción de ARN total de los mosquitos y las muestras fueron procesadas por la técnica RT-*Nested*-PCR mediante la utilización de cebadores, que amplifican los segmentos altamente conservados de los genes de las polimerasas virales NS5 y nsP4 de los flavivirus y alfavirus, respectivamente. Los amplicones obtenidos se purificaron y secuenciaron para realizar una identificación del virus. Como resultado se detectaron 14 cepas de *Culex flavivirus* (CxFV), 12 en mosquitos del género *Culex* y 2 cepas en mosquitos de la especie *Ae. scapularis* y no se detectó la presencia de alfavirus en ninguna de las muestras analizadas. Para establecer las relaciones filogenéticas entre cepas de CxFV, la secuencia del gen de la envoltura de una cepa aislada en el año 2010 en Argentina, fue comparada con otras secuencias de CxFV de diferentes localizaciones geográficas. Los análisis filogenéticos demostraron que dicha cepa está estrechamente relacionada con cepas Latinoamericanas provenientes de Trinidad, Guatemala, México, y con Uganda, una cepa de África. Las mismas corresponden al genotipo II. En su conjunto en este trabajo no se evidenció la circulación de arbovirus de importancia sanitaria en los mosquitos muestreados,

pero ayuda a conocer la diversidad de mosquitos en la región y la importancia sanitaria de las especies halladas y destaca además, la importancia de realizar estudios de vigilancia.