



GENÉTICA | Secuencian su ADN

Los tres mosqueteros de las enfermedades tropicales

ELMUNDO.es | Madrid

Actualizado **jueves 30/09/2010 20:41 horas**

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

Hasta ahora, se había secuenciado una especie de mosquito del género Anopheles y una especie del género Aedes. Con la secuenciación de 'Culex quinquefasciatus', publicada en la revista 'Science', se completa la secuenciación de los genomas de referencia para **los tres géneros de mosquito que transmiten más enfermedades en todo el planeta**. En concreto, 'Culex' es el género de mosquitos más diverso (está formado por más de 1.200 especies descritas) y con una mayor distribución geográfica. Los mosquitos del género Culex actúan como vectores de diversas enfermedades de las que debemos destacar la encefalitis del Nilo Occidental y la filariasis linfática.

Roderic Guigó, jefe del grupo Bioinformática y Genómica del Centro de Regulación Genómica (CRG) afirma que "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", concluye Guigó.

El trabajo que publica la revista Science, describe que el genoma de 'C. 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'.

Los investigadores han observado que el incremento del genoma de 'Culex' frente a los otros dos géneros secuenciados corresponde a la expansión de algunas familias de genes. Concretamente, **el trabajo indica que estas familias más representadas estarían relacionadas con receptores gustativos y olfativos**, genes relacionados con el sistema inmune y genes con posibles funciones en la eliminación de sustancias de síntesis.

© 2010 Unidad Editorial Internet, S.L.