

BBVA
adelante.

SIGLO XXI

DIARIO DIGITAL
INDEPENDIENTE,
PLURAL Y ABIERTO



Lunes, 04 de octubre de 2010 • Actualizado a las 15:53 (CET) • Año VIII. Fundado en noviembre de 2003

[Vídeos](#) | [Imágenes](#) | [Última hora](#) | [Encuestas](#) | [El Tiempo](#) | [Páginas blancas](#) | [Páginas Amarillas](#) | [Callejero](#)

Opinión

Firmas

Viñetas

Entrevistas

Especiales



- Cursos
- Másters

España

Internacional

Deportes

Fútbol

Baloncesto

Motor

Tenis

Balonmano

Ciclismo

Golf

Vela y Copa Am.

Atletismo

Más deportes

ECONOMÍA

Vivienda

Automóviles



CULTURA Y OCIO

Cine

Televisión

Música

Libros

SOCIEDAD

Sucesos y tribu.

Ciencia y salud

Sanidad

PL

Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental



» Ampliar la imagen

Pub
de 2

MADRID, 30 (EUROPA PRESS)

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del "Aedes aegypti" y el "Anopheles gambiae" ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del "Culex quinquefasciatus", también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en "Science" y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el "Anopheles" transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente

» |



» |





Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

MADRID, 30 (EUROPA PRESS) Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia. Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres. Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control. Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, "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". Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de A Coruña. El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado. Un segundo estudio dirigido por la Universidad de Iowa y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'. Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

Beyoncé revoluciona Youtube



- Conectar
- Alta usuario
- Hemeroteca
- Servicios
- Zona Multimedia
- Foros
- Rankings y listas
- Club eE(communidades)

EcoDiario
El canal de información general de elEconomista.es

Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

1/10/2010 - 11:15

[Share](#)

0

tweets

tweet



Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

MADRID, 30 (EUROPA PRESS)

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres.

Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control.

Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, "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".

Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de A Coruña.

El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado.

Un segundo estudio dirigido por la Universidad de Iowa y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'.

Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

[Terapia con Células Madre](#)

Tratamiento en Alemania contra diversas enfermedades degenerativas
www.xcell-center.es/CelulasMadre

Anuncios Google

© **Ecoprensa S.A.** - Todos los derechos reservados - Nota Legal - Quiénes somos - Suscripciones - Publicidad - RSS - Archivo - Ayuda

[Iniciar sesión en facebook](#)[Iniciar sesión](#)[Regístrate](#)

Genética

Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

01/10/2010 | EuropaPress

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten **enfermedades**. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en **Estados Unidos**, han participado grupos de investigadores de **Cataluña** y **Galicia**.

[Me gusta](#)[nachomartirene:](#)

MADRID, 30 (EUROPA PRESS)

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres.

Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control.

Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en **Barcelona**, "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".

Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de A Coruña.

El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado.

Un segundo estudio dirigido por la **Universidad de Iowa** y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'.

Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

8 [enlaces más sobre este asunto](#)**Segundo caso en España de virus del Nilo Occidental**27/09/2010 [Leer artículo completo en es.noticias.yahoo.com](#)

CÁDIZ, 27 (EUROPA PRESS) - La delegación provincial de Salud de Cádiz ha confirmado un caso de virus de Nilo Occidental en humanos, tratándose de un hombre de 60 años de edad, residente en Chiclana de la Frontera (Cádiz), que ingresó hace una semana en el hospital de Puerto Real con síntomas...

Segundo caso en España de virus del Nilo Occidental

27/09/2010

La delegación provincial de Salud de Cádiz ha confirmado un caso de virus de Nilo Occidental en humanos, tratándose de un hombre de 60 años de edad, residente en Chiclana de la Frontera (Cádiz), que ingresó hace una semana en el hospital de Puerto Real con síntomas de meningitis y que...

Secuenciado el genoma de un mosquito Culex, clave en la transmisión de enfermedades30/09/2010 [Leer artículo completo en www.lavanguardia.es](#)

Con este avance, el equipo científico internacional en el que se incluyen investigadores de Barcelona completa los genomas de referencia de los tres géneros del insecto que transmite más enfermedades

Secuenciado el genoma de un mosquito Culex, clave en la transmisión de enfermedades30/09/2010 [Leer artículo completo en www.lavanguardia.es](#)

Con este avance, el equipo científico internacional en el que se incluyen investigadores de Barcelona completa los genomas de referencia de los tres géneros del insecto que transmite más enfermedades

Temas relacionados

[SALUD](#) [ENFERMEDADES](#) [ENFERMEDADES VÍRICAS](#) [ESPECIALIZACIONES MÉDICAS](#) [GENÉTICA](#) [INVESTIGACIÓN MÉDICA](#) [LUGARES](#) [CATALUÑA](#) [ESPAÑA](#) [BARCELONA](#) [ESTADOS UNIDOS](#) [GALICIA](#) [EMPRESAS](#)
[UNIVERSIDAD DE IOWA](#) [SCIENCE](#) [UNIVERSIDAD DE LA CORUÑA](#)

Lo último en salud

Últimas fotos



Temperaturas en descenso y lluvias fuertes en el Cantábrico, Navarra y Aragón



- [Portada](#) |
 [Noticias](#) |
 [España](#) |
 [Mundo](#) |
 [Negocios](#) |
 [Sociedad](#) |
 [Foros](#) |
 [Clasificados](#) |
 [Blogs](#) |
 [Juegos](#)

[Canales: Arte y cultura](#) |
 [Ciencia](#) |
 [Cine](#) |
 [Deportes](#) |
 [Espectáculos](#) |
 [Freeware](#) |
 [Hogar y salud](#) |
 [Humor](#) |
 [Música](#) |
 [Tecnología](#) |
 [Viajes y motor](#)

1&1
PACKS DE HOSTING
✓ Tráfico ILIMITADO

Hasta el 31 de octubre
6 MESES GRATIS



Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

[Mosquito Tigre](#) secure.comtele.com

Trampa ecológica y eficaz, testada y probada científicamente

[Financiación Cofidis 2010](#) www.cofidis.es/financiacion

Financie fácilmente lo que quiera con Cofidis. Hasta 6.000 euros!

[Informatica de Castellar](#) www.jajuarez.es

Informática, Ordenadores consumibles perifericos accesorios

[Exterminador de insectos](#) www.3tres3.com

Matainsectos eléctrico, disponible 30 watt y 40 watt.

Anuncios Google

MADRID, 30 (EUROPA PRESS)

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres.

Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control.

Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, "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".

Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de La Coruña.

El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado.

Un segundo estudio dirigido por la Universidad de Iowa y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'.

Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

Otras noticias del día 01 de Octubre de 2010

- Oceanográfico Valencia exhibe primera vez tortuga verde recuperada Medio Ambiente
- Seprona inspecciona centro cría cautividad lince
- Secuencian genoma mosquito virus Nilo Occidental
- Centro Médico Teknon Barcelona opera paciente 260 kilos by-pass gástrico

[Noticias de Ciencia](#)
[Ver el archivo de noticias de Ciencia](#)

[Contactar](#) |
 [Política de datos personales](#) |
 [Términos y condiciones del servicio](#) |
 [Tarifas de publicidad](#)

© Lexur

[Periodista Digital](#) › [Ciencia](#) › [Mundo Animal](#)



Europa Press

Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

Europa Press, 01 de octubre de 2010 a las 13:05

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres.

Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control.

Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, "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".

Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de A Coruña.

El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado.

Un segundo estudio dirigido por la Universidad de Iowa y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'.

Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

0



LAVOZLIBRE 

Director: Manuel Romero
 Lunes, 04 de octubre de 2010 | 15:59:19
 Auditado por  y  Suscríbete al **BOLETÍN** | RSS 

PORTADA | ECONOMÍA | CONFLICTO | VIVA LA VIDA
 ESPAÑA | CULTURA | DEPORTES | TECNOLOGÍA
 INTERNACIONAL | MEDIOS | OPINIÓN | MADRID

buscar

ÚLTIMA HORA

CON PARTICIPACIÓN ESPAÑOLA

Secuencian el genoma del mosquito del virus del Nilo Occidental

Europa Press
 viernes, 01 de octubre de 2010, 11:15
 MADRID, 30 (EUROPA PRESS)

Un equipo internacional de científicos ha secuenciado el genoma del tercer mosquito en la triada de los principales mosquitos que transmiten enfermedades. Los genomas del 'Aedes aegypti' y el 'Anopheles gambiae' ya son conocidos, el nuevo genoma secuenciado es el del 'Culex quinquefasciatus', también conocido como mosquito de la casa del sur. En el trabajo, publicado en 'Science' y dirigido por la Universidad de California en Estados Unidos, han participado grupos de investigadores de Cataluña y Galicia.

Este mosquito es un importante portador de virus como el virus del Nilo Occidental y el virus de la encefalitis de Saint Louis así como de los nematodos que causan filariasis linfática. Por su parte, el 'Anopheles' transmite la malaria y el Aedes el dengue y la fiebre amarilla. Culex es el más diverso y extendido geográficamente de los tres mosquitos y su genoma revela algunas diferencias interesantes entre Culex y sus congéneres.

Al comparar los tres genomas, los investigadores podrían descubrir nuevas vías para controlar las enfermedades que transmiten los mosquitos o podrían identificar diferencias entre las especies que pueden confundir los esfuerzos de control.

Según explica Roderic Guigó, del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona, "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".

Además del CRG, en el trabajo han participado el Instituto de Investigación Biomédica de Bellvitge (IDIBELL), el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, la Fundación Pública Gallega de Medicina Genómica y la Universidad de A Coruña.

El repertorio de 'C. quinquefasciatus' de 18.883 genes codificadores de proteínas es un 22 por ciento mayor que el del 'A. aegypti' y un 52 por ciento más grande que el del 'Anopheles gambiae'. Varias familias de genes están ampliadas, incluyendo aquellas de receptores olfativos y gustativos así como los genes asociados al funcionamiento de las glándulas salivares y el sistema inmune. Estas ampliaciones de genes podrían reflejar el hecho de que 'C. quinquefasciatus' puede alimentarse de la sangre de aves, humanos y ganado.

Un segundo estudio dirigido por la Universidad de Iowa y que acompaña al de la secuencia de Culex se centra en los genes de respuesta a la infección. Los científicos han descubierto 500 genes asociados a la respuesta inmune, un número similar al de Aedes pero más pequeño que el del Anopheles o de la mosca de la fruta 'Drosophila melanogaster'.

Varias de las ampliaciones genéticas son consistentes con la adaptación a diversos hábitats, incluyendo los ambientes urbanizados contaminados donde Culex puede encontrarse a menudo.

Compartir 

Escribe tu comentario

Usuario:

Comentario:

LAVOZLIBRE 

hoy en portada



'El hombre que mató a Trinity Valance'

Montilla se hunde y el PP superaría a ERC como tercera fuerza política

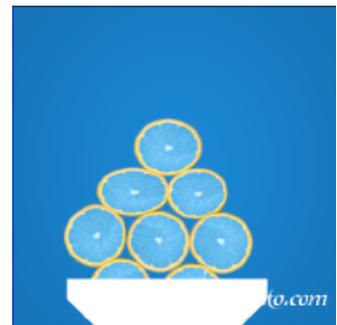


Antena 3 encuentra un filón en Arantxa Contreras

Larissa Riquelme incendia la televisión chilena

- 15:50 Justicia y el CGAE firman un convenio con el que puede reducirse 40 días la tramitación de la justicia gratuita >>
- 15:39 El Museo Picasso acoge una exposición temporal sobre juguetes realizados por artistas vanguardistas del siglo XX >>
- 15:36 El alcalde de Oviedo (PP) reprocha la falta de "neutralidad" del jurado de la Capitalidad Europea, que vincula al PSOE >>
- 15:36 Santander.- La nueva edición de 'Teatralizarte' acogerá hasta junio 77

+



 **La Voz Libre** en Facebook

Me gusta

A 4,191 personas les gusta La Voz Libre