

## Unidos contra el virus Zika...

Beatriz S. Méndez

Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. IQUIBICEN.CONICET. Buenos Aires. Argentina

[bea@qb.fcen.uba.ar](mailto:bea@qb.fcen.uba.ar)

y enfermedades producidas por virus como la fiebre amarilla, el dengue y la fiebre chikungunya.

El mosquito *Aedes aegypti* hembra (del griego *Aedes*: desagradable, *aegypti*: originario de Egipto) es el trasmisor de los virus que provocan las enfermedades antes mencionadas. El mosquito se alimenta de sangre en el período en el cual deposita sus huevos. De esa manera puede transmitir el virus de una persona enferma a otra sana. Por ello *Ae. aegypti* sería el blanco adecuado de modificaciones tendientes a impedir tanto la adquisición como la transmisión de los virus.

¿Qué se conoce sobre el mosquito? Salió a la palestra durante las epidemias de fiebre amarilla a finales del siglo XIX. El científico cubano Carlos Finlay [1] fue el primero en sugerir que dicha enfermedad podía ser transmitida por un insecto, *Ae. aegypti*, y Walter Reed confirmó luego el hallazgo [2].

Desde entonces diferentes estrategias se han diseñado para combatirlo, desde la eliminación de los recipientes de agua donde la hembra coloca los huevos, pasando por insecticidas, hasta la liberación de mosquitos machos estériles obtenidos por ingeniería genética [3].

El conocimiento de la secuencia de genomas tanto de los virus causantes de enfermedades como de sus vectores es de importancia para el desarrollo de estrategias de control.

¿Y la secuencia del genoma de *Ae. aegypti*. Pues aquí ha habido un problema. El tamaño de su genoma es 1,35 Gb (1Gb = 1.000.000.000 bases), el de mayor tamaño entre los genomas secuenciados de mosquitos y contiene 3 cromosomas en los que se puede detectar la presencia de múltiples secuencias transponibles repetidas. Estas características dificultan la secuenciación. Como resultado el borrador de la secuencia del genoma que se conoce desde 2007 [4] presenta varios problemas, los fragmentos secuenciados en algunos casos no fueron correctamente ensamblados y a los que sí lo han sido no se les ha podido asignar un cromosoma. A la vez, se desconoce la secuencia de muchos genes, otras están duplicadas y sobretodo no se ha podido “cerrar” el genoma, es decir que no se tiene su secuencia completa. La razón se debe a que la tecnología aplicada en esa época trabajaba sobre fragmentos de DNA cortos que luego se ensamblaban mediante tecnología informática por la homología de sus extremos. Dada la presencia de múltiples secuencias transponibles homólogas el ensamblaje producía repeticiones.

Recientemente el virus Zika se propagó rápidamente en Brasil, otras regiones de América del Sur y ha llegado a Miami. Si bien las infecciones causadas por este virus producen síntomas parecidos a una influenza benigna se han descrito también casos de microcefalia en recién nacidos. Entonces la mirada de los científicos se posó nuevamente sobre *Ae. aegypti* y su fallida secuencia de genoma, lo que los llevó a construir un grupo, Aedes Genome Working Group, para lograr la secuencia definitiva [5]. A la vez otro grupo de científicos ha adoptado la estrategia de trabajar sobre la secuencia imperfecta ya depositada con el objetivo de conseguir un genoma cerrado (end-to-end genome assembly). Lo han logrado e informan que sus resultados ya están siendo preparados para publicación pero mientras tanto están disponibles para el resto de la comunidad científica [6].

Además de los logros que eventualmente se alcancen esta forma de trabajar es importante, ya que se han dejado de lado competencias y resquemores para completar una meta científica que sirva de ayuda para combatir enfermedades que pueden ser mortales.

## Referencias

1. [http://bvs.sld.cu/revistas/his/vol\\_2\\_99/his05299.htm](http://bvs.sld.cu/revistas/his/vol_2_99/his05299.htm)
2. [http://www.pbs.org/wgbh/amex/fever/peopleevents/p\\_reed.html](http://www.pbs.org/wgbh/amex/fever/peopleevents/p_reed.html)
3. **Harris AF, McKemey AR, Nimmo D, Curtis Z, Black I, Morgan SA, et al.** (1987) Successful suppression of a field mosquito population by sustained release of engineered male mosquitoes *Nat Biotechnol* 30: 828–830. doi: 10.1038/nbt.2350.
4. **Nene V, Wortman JR, Lawson D, Haas B, Kodira C, Tu ZJ, Loftus B, et al.** (2007) Genome Sequence of *Aedes aegypti*, a Major Arbovirus Vector *Science* 316: 1718–1723. doi:10.1126/science.1138878.
5. [http://www.nytimes.com/2016/03/31/us/mapping-a-genetic-strategy-to-fight-the-zika-virus.html?\\_r=0](http://www.nytimes.com/2016/03/31/us/mapping-a-genetic-strategy-to-fight-the-zika-virus.html?_r=0)
6. <https://tinyurl.com/AaegL4>.

**La autora es directora de Química Viva, profesora consulta e investigadora de CONICET**



ISSN 1666-7948

[www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar](http://www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar)

*Revista QuímicaViva*

Número 2, Año 15, Agosto 2016

[quimicaviva@qb.fcen.uba.ar](mailto:quimicaviva@qb.fcen.uba.ar)