

Principales Vectores de Fasciola Hepatica en América del Sur: Análisis del Adnr y Adnmt de Lymnaea Neotropica y Lymnaea Viatrix

P. Artigas¹, RL. Mera y Serra^{1,2}, S. Mas-Coma¹, MD. Bargues¹.

¹Departamento de Parasitología, Universidad de Valencia, España.

²Fac. Cs Médicas, U. Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina rmera@fcm.uncu.edu.ar

Resumen

Introducción: La fascioliasis humana es una enfermedad emergente en muchas partes del mundo, que puede presentar diferentes patrones epidemiológicos. Las especies de caracoles dentro del grupo Galba/Fossaria, tales como Lymnaea cubensis, L. neotropica, L. viatrix y Galba truncatula, aparecen frecuentemente involucradas en la transmisión de Fasciola hepatica en América Central y Sur. No obstante la clasificación morfológica y anatómica por especies es a menudo muy difícil. **Objetivo:** El objetivo de este trabajo es estudiar el uso potencial de análisis moleculares en la identificación específica de caracoles vectores que podrían estar condicionando la epidemiología de la fascioliasis.

Materiales y métodos: Se secuenciaron regiones del DNAr 18S, ITS-1 e ITS-2, y el gen codificante cox1 del DNAm de lymnaeidos silvestres de las especies L. neotropica, L. viatrix y G. truncatula. Todas las muestras de especies de América del Sur procedieron de las respectivas localidades tipo. Las secuencias de ADNr y ADNmt fueron obtenidas mediante secuenciación automática, empleando cebadores oligonucleótidos específicos. **Resultados:** La secuencia de ADNr 18S de L. viatrix de Argentina presentó una longitud de 1860 pb y un porcentaje de GC del 51,82%. Las secuencias del 18S de L. neotropica proveniente de 2 localidades en Lima, Perú, fueron idénticas base a base, y sólo difirieron en 1 sola base respecto de la de L. viatrix. Las secuencias del ITS-2 de las especies de L. neotropica fueron idénticas, difiriendo marcadamente de L. viatrix en 53 posiciones,

alcanzando un 11,67% de divergencia nucleotídica. Las secuencias de cox1 de L. neotropica resultaron idénticas pero diferían de L. viatrix en 29 posiciones, presentando una divergencia nucleotídica de 4,31%.

Conclusiones: Las distancias genéticas observadas y los resultados de los análisis filogenéticos mostraron que existen 2 especies dentro de L. viatrix sensu lato. Ello condujo a la diferenciación de L. neotropica (= L. viatrix var. B elongate) de Lima, Perú, respecto de L. viatrix (= L. viatrix var. A ventricosa) de Frías, Río Negro, Argentina, además de L. cubensis y G. truncatula.

Financiación: Estudios financiados por: Secretaria de Ciencia y Técnica, Universidad Nacional de Cuyo, Universidad J. A. Maza, y Red de Investigación de Centros de Enfermedades Tropicales – RICET (Proyectos Nos. C03/04,

ISCIH2005-PI050574 y ISCIH-RETIC RD06/0021/0017, Programa de Redes Temáticas de Investigación Cooperativa), FIS, Ministerio de Sanidad, Madrid, y Proyectos No.

BOS2002-01978 y No. SAF2006-09278,

Ministerio de Educación y Ciencia, Madrid. Presentado en el VII Congreso de la Sociedad Española de Medicina Tropical y Salud Internacional, 2-5 Marzo 2010 Salamanca, España publicado en Enfermedades Emergentes 2010.