

#### 40 Variabilidad genética en *Lutzomyia (verrucarum) evansi* (Núñez-Tovar, 1924), vector de Leishmaniosis visceral americana

Eduar E. Bejarano\*, Winston Rojas<sup>1</sup>, Sandra Uribe<sup>2</sup>, Iván D. Vélez<sup>3</sup>, Charles Porter<sup>4</sup>

#### PALABRAS CLAVE

LUTZOMYIA EVANSI  
LEISHMANIOSIS VISCERAL AMERICANA  
VARIABILIDAD GENÉTICA  
COLOMBIA

#### INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

*Lutzomyia evansi* (Núñez-Tovar, 1924), *Lutzomyia longipalpis* (Lutz y Neiva, 1912) y *Lutzomyia cruzi* (Mangabeira, 1938), son los vectores de *Leishmania infantum* Nicolle, 1908, en el neotrópico. *Lu. evansi* ha sido incriminada como vector en zonas rurales de la Costa Caribe Colombiana, y algunas zonas de Venezuela y Nicaragua. A pesar de que esta especie reviste gran importancia en Salud Pública, no existen a la fecha estudios sobre su variabilidad genética, desconociéndose si existe o no flujo genético entre las poblaciones rurales y urbanas, endémicas y no endémicas de leishmaniosis visceral (LV). Con base en los genes mitocondriales Citocromo b, RNA de transferencia para Serina, subunidades uno y cuatro de la NADH deshidrogenasa, se estudió la variabilidad genética entre las distintas poblaciones de *Lu. evansi* en la Costa Caribe, incluyendo la población geográficamente aislada de Isla Fuerte, y una población de Venezuela.

#### METODOLOGÍA

Los especímenes se colectaron con trampas CDC y Shannon, se transportaron al laboratorio en isopropanol 100%, y se identificaron morfológicamente por medio de la clave de Young y Duncan, 1994. La extracción del ADN se realizó con base en el protocolo de Collins y Porter, 1991. Para la PCR se usaron los primers CB3FC - NINFR, que amplifican el extremo 3' de Cyt b, tRNA de Serina, y el extremo 5' de ND1; y ARNP - CNP diseñados por Uribe *et al.* 2001 para el gen ND4. Los productos obtenidos fueron secuenciados directamente en un ABI Prism 377. Las secuencias nucleotídicas fueron alineadas con PHYLIPS, y analizadas con PAUP, DNA SP, ARLEQUIN y MEGA.

#### RESULTADOS

La composición nucleotídica se caracterizó por un alto contenido de Adenina y Timina, A = 38.54, T = 38.58, C = 13.88, G = 9.0. No se detectaron diferencias entre las poblaciones en el tRNA. En el fragmento analizado de 498 pb (3' Cytb y 5' ND1), se encontró un polimorfismo de 3.4%, representado por 14 transiciones y tres transversiones. Éste generó ocho haplotipos, uno de ellos compartido entre la población de Sincelajo e Isla Fuerte.

#### CONCLUSIONES

Las poblaciones de *Lu. evansi* de la Costa Caribe de Colombia aparecieron homogéneas entre sí. La población de Venezuela fue distinta de las poblaciones de Colombia. El análisis indicó flujo de genes entre una población endémica de LV y una población urbana del Caribe. Se discuten las implicaciones para la epidemiología de la enfermedad, por la posibilidad de que *Lu. evansi* pueda transportar el parásito del campo a la ciudad. Recientemente se detectó el primer caso de leishmaniosis visceral urbana en la ciudad de Sincelajo (Bejarano *et al.* 2001).

#### BIBLIOGRAFÍA

1. YOUNG DG, DUNCAN MA. Guide to identification and geographic distribution of *Lutzomyia* sand flies in Mexico, the West Indies, Central and South America (Diptera: Psychodidae). *Mem Amer Entomol Inst* 1994; 54: 1-881.
2. PORTER CH, COLLINS FH. Species-diagnostic differences in a ribosomal DNA internal transcribed spacer from the sibling species *Anopheles freeborni* and *Anopheles hermsi* (Diptera: Culicidae). *Am J Trop Med Hyg* 1991; 45: 271-279.
3. URIBE S, LEHMANN T, ROWTON ED, VÉLEZ ID, PORTER C. Speciation and population structure in the morphospecies *Lutzomyia longipalpis* (Lutz & Neiva) as derived from the mitochondrial ND4 gene. *Mol Phylogenet Evol* 2001; 18: 456-461.
4. BEJARANO EE, URIBE S, ROJAS W, VÉLEZ ID. Presence of *Lutzomyia evansi*, a vector of American visceral leishmaniasis, in an urban area of the Colombian Caribbean coast. *Trans Roy Soc Trop Med Hyg* 2001; 95: 27-28.

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET, Universidad de Antioquia

Centers for Disease Control and Prevention – CDC.

<sup>1</sup> Estudiante de Maestría, Posgrado en Ciencias Básicas Biomédicas

<sup>2</sup> Prosefora, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia

<sup>3</sup> Profesor, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia

<sup>4</sup> Entomólogo Molecular, División of Parasitic Diseases, NCID, CDC

bejarano@medicina.udea.edu.co

