

## DETECCIÓN MOLECULAR DE FLAVIVIRUS EN MOSQUITOS DE PARAGUAY (2016-2018) – RESULTADOS PRELIMINARES

Cardozo Fátima<sup>1</sup>, Rojas Alejandra<sup>1</sup>, Bernal Cynthia<sup>1</sup>, Ferreira Luis<sup>2</sup>, Díaz Luis Adrián<sup>3</sup>, Páez Malvina<sup>1</sup>, Guillén Yvalena<sup>1</sup>, Martínez Nidia<sup>2</sup>, Contigiani Marta<sup>3</sup>, Mendoza Laura<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Asunción, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, San Lorenzo, Paraguay

<sup>2</sup>Servicio Nacional de Erradicación al Paludismo (SENEPA), Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Asunción, Paraguay

<sup>3</sup>Instituto de Virología, "Dr. J.M. Vanella", Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina

Los Flavivirus constituyen un problema de salud pública y son transmitidos por artrópodos, principalmente mosquitos. En Paraguay los virus dengue, de la fiebre amarilla y el Zika fueron detectados en infecciones humanas, pero los estudios de flavivirus en mosquitos son escasos. Por ello, el objetivo del presente estudio fue detectar flavivirus en mosquitos colectados en zonas urbanas (San Lorenzo) y rurales (Reserva San Rafael, Itacurubi de la Cordillera y San José de los Arroyos) de Paraguay entre los años 2016-2018, por RT-PCR anidada genérica. Fueron colectados 2569 mosquitos, de 22 especies, siendo las especies más frecuentes *Culex quinquefasciatus* con 46,75% (1201/2569) y *Ochlerotatus scapularis* 19,77% (508/2569). En las colectas realizadas en áreas rurales fueron colectadas un mayor número y variedad de especies (2070 mosquitos, 20 especies) al comparar con las colectas urbanas (499 mosquitos, 11 especies). Para el análisis molecular se prepararon *pooles* de 1 a 35 mosquitos agrupados por especie, sitio, entre otros. Fueron analizados 201 *pooles* de mosquitos, de los cuales 45,3% (91/201) fueron positivos para Flavivirus, en su mayoría correspondientes a mosquitos de especie *Culex quinquefasciatus*, seguido de *Aedes aegypti*. Hasta el momento, 20 *pooles* positivos fueron secuenciados identificándose flavivirus de insectos (ISFV), detectándose principalmente *Culex Flavivirus*, *cell fusing agents Flavivirus* y *Kamiti river virus*. Estos resultados sugieren una amplia circulación de los ISFV en simultáneo con otros Flavivirus de importancia médica. La implicancia de los ISFV en la transmisión de arbovirus debe ser estudiada.

Apoio financiero: Este proyecto fue financiado por el CONACYT a través del Programa PROCIENCIA con recursos del Fondo para la Excelencia e Investigación – FEEI del FONACIDE (14-INV-152).