

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE LAS FUENTES DE SANGRE EN FLEBOTOMINOS DE UN FOCO DE LEISHMANIASIS CUTÁNEA EN EL NORTE DE COLOMBIA

MOLECULAR IDENTIFICATION OF BLOOD SOURCES IN PHLETS FROM AN FOCUS OF CUTANEOUS LEISHMANIASIS IN NORTHERN COLOMBIA

ARDILA, M.M.^{1,2*}, CERA, Y.¹, HERRERA, L.³, PÉREZ-DORIA, A.⁴

1 Grupo Interdisciplinario en Ciencias Marinas y Ambientales (GICMARA), Universidad del Atlántico biomardila@gmail.com, mmardila@mail.uniatlantico.edu.co ydcera@mail.uniatlantico.edu.co Puerto Colombia, Colombia.

2 Grupo de Investigación Básica y Clínica en Ciencias de la Salud, Fundación Universitaria San Martín Puerto Colombia, Colombia.

3 Laboratorio de Biología de Vectores y Parásitos, Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Universidad Central de Venezuela Caracas, Venezuela.

4 Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre Sincelejo, Colombia.

Recibido en 04 septiembre 2021

Aceptado en 11 octubre 2021



Resumen

El complejo ecopatogénico de la leishmaniasis formado por parásitos del género *Leishmania*, mamíferos-hospedadores e insectos flebotominos, es muy poco explorado en Colombia. En la actualidad la Biología Molecular ha permitido detectar ADN de vertebrados a partir de la ingesta sanguínea de flebotominos. En Los Montes de María, un macrofoco de leishmaniasis en el país, está circulando *Leishmania braziliensis*, *Leishmania panamensis*, *Leishmania guyanensis* y *Leishmania chagasi*. En la presente investigación se identificaron las fuentes de ingestas sanguíneas de flebotómíneos recolectados en El Carmen de Bolívar-Norte de Colombia. Trimestralmente (2017-2018) durante tres noches consecutivas (18:00 y 06:00), se colocaron trampas CDC en el domicilio (D), peridomicilio (PD) y extradomicilio (ED). Los insectos fueron identificados según Galati (2013) y a las hembras hematófagas facultativas se les extrajo el ADN para amplificar el gen mitocondrial citocromo b/Mt-Cyb. Se recolectaron 628 flebotominos: 485 *Pintomyia evansi* (77,3%), 105 *Lutzomyia gomezi* (16,7%), 32 *Psychodopygus panamensis* (9,8%), 2 *Micropygomyia trinidadensis* (0,3%), 2 *Psathyromyia aclydifera* (0,3%), 1 *Evandromyia dubitans* (0,16%) y 1 *Psathyromyia abonnenci* (0,16%). 100 de estas hembras presentaron restos sanguíneos, siendo *Pi. evansi* la especie más ecléctica (16%) en el uso de fuentes sanguínea a saber: *Canis familiaris*/*Sus scrofa*/*Ovis aries* (1), *O. aries*/*C. familiaris* (2), *C. familiaris*/*Bos taurus* (2), *O. aries*/*S. scrofa*/*B. taurus* (1), *C. familiaris* (1), *Homo sapiens* (1), *O. aries* (5), *B. taurus* (1) y *S. scrofa* (2). *Ps. panamensis* (2%) presentó ingesta sobre: *S. scrofa*/*H. sapiens* (1) y *B. taurus*/*C. familiaris* (1) y *Lu. gomezi* (6%)

presentó ingesta con *S. scrofa*/*B. taurus* (1) y *O. aries* (5). La presencia de estos insectos en áreas hiperendémicas para leishmaniasis, sumada a los hábitos eclécticos sobre la mastofauna doméstica y el humano de *Pi. evansi* y *Ps. panamensis*, representan un riesgo potencial de contraer LC y LV, donde el D y PD son hábitats adecuados para la instalación del complejo ecopatogénico de esta zoonosis.

Palabras clave: Leishmaniasis, flebotominos, fuentes de ingestas sanguíneas, gen mitocondrial Citocromo B, Colombia.

Abstract

The ecopathogenic complex of leishmaniasis formed by parasites of the *Leishmania* genus, mammalian hosts and sandfly insects, is very little explored in Colombia. At present, Molecular Biology has allowed the detection of vertebrate DNA from the blood intake of sandflies. In Los Montes de María, a leishmaniasis macro-focus in the country, *Leishmania braziliensis*, *Leishmania panamensis*, *Leishmania guyanensis* and *Leishmania chagasi* are circulating. In the present investigation, the sources of blood intake of sandflies collected in El Carmen de Bolívar-Northern Colombia were identified. Quarterly (2017-2018) for three consecutive nights (6:00 p.m. and 6:00 a.m.), CDC traps were placed at home (D), peridomicile (PD) and outside domiciliary (ED). The insects were identified according to Galati (2013) and DNA was extracted from facultative hematophagous females to amplify the mitochondrial cytochrome b/Mt-Cyb gene. A total of 628 sandflies were collected: 485 *Pintomyia evansi* (77.3%), 105 *Lutzomyia gomezi* (16.7%), 32 *Psychodopygus panamensis* (9.8%), 2 *Micropygomyia trinidadensis* (0.3%), 2 *Psathyromyia aclydifera* (0.3%), 1 *Evandromyia dubitans* (0.16%) and 1 *Psathyromyia abonnenci* (0.16%). 100 of these females presented blood remains, being *Pi. evansi* the most eclectic species (16%) in the use of blood sources, namely: *Canis familiaris*/*Sus scrofa*/*Ovis aries* (1), *O. aries*/*C. familiaris* (2), *C. familiaris*/*Bos taurus* (2), *O. aries*/*S. scrofa*/*B. taurus* (1), *C. familiaris* (1), *Homo sapiens* (1), *O. aries* (5), *B. taurus* (1), and *S. scrofa* (2). *. panamensis* (2%) presented ingestion of: *S. scrofa*/*H. sapiens* (1) and *B. taurus*/*C. familiaris* (1) and *Lu. gomezi* (6%) presented ingestion with *S. scrofa*/*B. taurus* (1) and *O. aries* (5). The presence of these insects in hyperendemic areas for leishmaniasis, added to the eclectic habits on the domestic mastofauna and the human of *Pi. evansi* and *Ps. panamensis*, represent a potential risk of contracting LC and LV, where D and PD are suitable habitats for the installation of the ecopathogenic complex of this zoonosis.

Key words: Leishmaniasis, sandflies, sources of blood intake, cytochrome B mitochondrial gene, Colombia.