



Universidad de Concepción  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas



Evolución de la seropositividad a *Hantavirus* en *Oligoryzomys longicaudatus*: evaluación empleando método comparativo



Seminario de Título presentado a la  
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas  
Para optar al título de Biólogo

María Graciela Torres Contreras

Concepción, Diciembre 2008

## RESUMEN

Los hantavirus son virus de ARN de tres segmentos separados, conocidos por ser altamente patógenos y causar enfermedades en humanos tales como Fiebre hemorrágica y disfunción renal (HRFS) y el Síndrome Cardiopulmonar por *Hantavirus* (HPC). Algunos estudios han demostrado una antigua relación coevolutiva entre los hantavirus y sus reservorios, los muroídeos, a través de las diversas regiones ecogeográficas en donde ocurren estos virus. En Chile, el principal reservorio de la cepa Andes de *Hantavirus* es el sigmodontino *Oligoryzomys longicaudatus*. Esta especie de roedor presenta una amplia distribución latitudinal (entre los 28°- 55° S) en donde la seroprevalencia del Andesvirus es variable. A pesar de esta heterogeneidad, no se ha detectado influencia patógena del virus sobre el roedor, lo que es reflejo de la antigua historia coevolutiva del género *Oligoryzomys* con las cepas de *Hantavirus*. En este trabajo planteamos que la heterogeneidad en la seropositividad a Andesvirus de *O. longicaudatus* es consecuencia de procesos de migración del reservorio hacia ambientes hostiles para el virus, lo que debiera reflejarse en la evolución de la seropositividad en los linajes geográficos de *O. longicaudatus*. Para evaluar esta hipótesis, utilizamos herramientas del método comparativo sobre bases de datos moleculares y serológicas de todo el rango de distribución del reservorio en Chile. Los resultados muestran que el estado serológico del ancestro común más reciente (ACMR) de *O. longicaudatus* es incierto, y que existe una mayor probabilidad a que el carácter seropositividad disminuya a través de la historia. Se propone que los procesos migracionales y de expansión poblacional histórica de los roedores explicarían la asociación con el virus y su prevalencia.