



UNIVERSIDAD METROPOLITANA DE CIENCIAS DE LA EDUCACIÓN  
FACULTAD DE CIENCIAS BÁSICAS  
INSTITUTO DE ENTOMOLOGÍA



Descripción del patrón de alimentación de *Aedes aegypti* (Linnaeus)(Diptera: Culicidae)  
presentes en Rapa Nui, Chile.

TESIS PARA OPTAR AL GRADO DE MAGÍSTER EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN  
ENTOMOLOGÍA

Por:

Jaime Salinas Torres

Director de Tesis

Christian González

SANTIAGO – CHILE

Diciembre, 2025

**INSTITUTO DE ENTOMOLOGÍA UMCE**

**INFORME DE APROBACIÓN**

**TESIS DE MAGÍSTER**

Se informa al Instituto de Entomología que la Tesis de Magíster presentada por el candidato,

Jaime Salinas Torres

Ha sido aprobada por la comisión de evaluación de la tesis como requisito para optar al Grado de Magíster en Ciencias con Mención en Entomología en el examen de Defensa de Tesis rendido el día **xx**, de mes **xxxxxxxx** del año **xxxx**

**Director de Tesis:**

Christian González

Calificación:

Firma:

**Comisión evaluadora de Tesis:**

Carlos Muñoz

Calificación:

Firma:

Ximena Collao

Calificación:

Firma:



### IDENTIFICACIÓN DE TESIS/INVESTIGACIÓN

Título de la tesis: Descripción del patrón de alimentación de *Aedes aegypti* (Linnaeus)(Diptera: Culicidae) presentes en Rapa Nui, Chile.

Fecha: Diciembre, 2025

Facultad de Ciencias Básicas

Departamento: Instituto de Entomología.

Programa: Magíster en Ciencias con Mención en Entomología.

Grado: Magíster en Ciencias con Mención en Entomología.

Profesor Director de Tesis: Christian González

### AUTORIZACIÓN

Se autoriza la reproducción total o parcial de este trabajo de investigación para fines académicos por cualquier medio o procedimiento, siempre que se haga la referencia bibliográfica que acredite el presente trabajo y sus autores/as, y a su vez el alojamiento de éste en el repositorio institucional SIBUMCE del sistema de bibliotecas UMCE.



Jaime Salinas Torres

Santiago de Chile, Diciembre, 2025.

### ***Dedicatoria***

A Elizabeth, Eduardo, Marisol I, Nelson, Carolina y Marisol II. Para todos ellos, amor infinito.

### ***Agradecimientos***

A Vanesa Aros (Geógrafa), y a todos quienes contribuyeron en este trabajo.

## ÍNDICE

1.- Resumen.....	01
2.- Introducción General.....	02
3.- Capítulo I.....	04
3.1.- Resumen.....	04
3.2.- Abstract.....	06
3.3.- Introducción.....	07
3.4.- Metodología.....	09
3.5.- Resultados y Discusión.....	17
3.6.- Conclusiones.....	20
3.7.- Referencias.....	22
3.8.- Agradecimientos.....	29
4.- Conclusiones.....	30

## 1. RESUMEN.

Los mosquitos son vectores de gran relevancia epidemiológica, capaces de transmitir diversos agentes infecciosos que afectan tanto a humanos como a animales. En Chile, se han registrado varias especies de importancia médica entre ellas *Aedes aegypti* (Linnaeus), vector de diversos patógenos, causantes de enfermedades tales como fiebre amarilla, dengue, chikungunya, zika, west Nile, entre otros. Los patrones de alimentación de los mosquitos pueden incluir diferentes especies de mamíferos domésticos, lo que incrementa la probabilidad de transmisión de arbovirus en las personas. Conocer los patrones de alimentación, contribuye a comprender las dinámicas de transmisión de arbovirus, identificar reservorios, desarrollar estrategias adecuadas para el control de vectores, y controlar brotes de enfermedades emergentes y reemergentes que se puedan desarrollar en la isla.

Esta investigación busca determinar los patrones de alimentación de la población de *Ae. aegypti* presente en Rapa Nui. Para ello, se colectaron ejemplares utilizando métodos directos e indirectos, como trampas Biogents Sentinel (BG traps), *Frommer Updraft Gravid Trap*, *Improved Prokopack Aspirator* y redes entomológicas. Las capturas se realizaron en tres campañas de muestreo, abril, junio y septiembre de 2024. Los ejemplares capturados se identificaron utilizando claves taxonómicas. Posteriormente, se analizaron los abdómenes de las hembras alimentadas mediante PCR convencional; y finalmente, se identificaron las especies a través de secuenciación de Sanger.

Se llevó a cabo la recolección de 457 ejemplares de *Aedes aegypti*, de los cuales 96 fueron machos y 361 fueron hembras. De este total de hembras, 30 mostraron evidencia de ingurgitación sanguínea en distintos grados. Al analizar estas 30 hembras alimentadas, fue posible identificar la especie hospedera en 17 de ellas. Los resultados del análisis de alimentación indicaron que en la mayoría de los casos, 15 muestras, el hospedero identificado fue *Homo sapiens*. Las 2 muestras restantes (12%) revelaron la presencia de *Canis lupus familiaris* como hospedero.

Se evidencia que la población de *Ae. aegypti* de Rapa Nui tiene preferencias de alimentación por los mamíferos; siendo su huésped de predilección los humanos (*Homo sapiens*), lo que concuerda con otras investigaciones, que mencionan que los patrones de alimentación de este vector son preferentemente antopofílicas. Se identifica también al perro (*Canis lupus familiaris*) como huésped secundario.

## 2. INTRODUCCIÓN GENERAL

Utilice esta introducción para describir el problema de forma muy general y breve, enfocándose en la relevancia del problema en un contexto amplio. En el caso de presentar la tesis dos capítulos o más, use esta sección para explicar cómo se relacionan los capítulos entre sí. Es decir, cómo cada capítulo forma parte de un todo cohesivo y coherente. (máximo 700 palabras)

Los mosquitos (Diptera: Culicidae) son los vectores de mayor relevancia de organismos patógenos, responsables de generar ciclos de infección y/o enfermedad, tanto en humanos como en animales (Takken & Verhulst 2012; Schaffner *et al.* 2013; Petersen *et al.* 2016). En Chile se ha registrado la presencia de especies de importancia médica y veterinaria, pertenecientes a los géneros *Aedes* Meigen, *Anopheles* Meigen y *Culex* Linnaeus (González *et al.* 2016), las cuales son capaces de transmitir patógenos causantes de dengue, zika, chikungunya, west Nile, malaria, entre otras (Yan-Jang *et al.* 2019).

La transmisión de estos agentes infecciosos, entre huéspedes vertebrados, ocurre a través de la conducta hematófaga de los mosquitos. La hematofagia es característica de las hembras de los mosquitos, ya que la sangre obtenida de los hospederos es una fuente de energía metabólica y sus proteínas son esenciales para la producción de huevos. Todos los linajes de vertebrados (también algunos invertebrados, como anélidos y otros insectos), sirven como hospederos en donde las hembras utilizan una variedad de sentidos (el olfato se considera como el de mayor relevancia, incluso más que la visión) para identificar con precisión a sus hospederos, dentro de un ambiente heterogéneo (Melgarejo-Colmenares *et al.* 2022). Por ello, la selección de un hospedador es esencial para que tanto el vector como el patógeno puedan completar exitosamente su ciclo biológico (Takken & Verhulst 2012, Bursali & Touray. 2024).

Los ciclos epidemiológicos de los arbovirus (por sus siglas en inglés arthropod-borne viruses), consisten en redes de transmisión complejas que involucran una amplia variedad de huéspedes vertebrados y artrópodos vectores (Díaz *et al.* 2013, Rodríguez-Valencia *et al.* 2025). El modo en que se produce la infección de arbovirus, es por transmisión horizontal, un proceso que depende directamente del comportamiento alimenticio del vector. Después de la ingestión del arbovirus, durante la alimentación sanguínea, el virus se replica e infecta todos los tejidos, incluidas las glándulas salivales (Bursali & Touray. 2024). Así, los viriones recién producidos, pueden transmitirse a un nuevo huésped vertebrado a través de la saliva secretada durante una ingesta de sangre posterior (Viglietta *et al.* 2021).

Este ciclo de transmisión requiere que el vector, el virus y el huésped, interactúen espacial y temporalmente, de una manera que facilite la adquisición de un virus de un huésped infectado a un vector competente. Son varios los factores que desempeñan un papel importante en esta relación dinámica, como la susceptibilidad del huésped, y la capacidad del vector, que incluye los hábitos alimentarios y la estimación de vida de la especie vectorial (Conway *et al.* 2014).

Algunas especies de mosquitos presentan un comportamiento alimenticio oportunista, alimentándose de una amplia variedad de vertebrados susceptibles. En contraste, otras tienen mayor grado de especificidad, y se alimentan predominantemente, de un número limitado de especies hospederas (Gibson & Torr 2002; Gonçalves *et al.* 2025). Por otra parte, muchos de los patógenos transmitidos por mosquitos son especie-específicos, lo que significa que solo pueden completar su ciclo biológico, en un rango restringido de hospederos (Yan *et al.* 2021).

Según los patrones de alimentación selectivos de los mosquitos, y de los requerimientos biológicos de los agentes infecciosos, es probable que la transmisión exitosa de arbovirus, sea el resultado de encuentros no aleatorios, entre vectores competentes y hospederos susceptibles (Viglietta *et al.* 2021). Por lo que se puede mencionar que, el aumento en la frecuencia de tales interacciones, mejoran la transmisión y amplificación de los arbovirus (Yan *et al.* 2021).

Conocer las especies de mosquitos presentes en un área determinada, y sus patrones de alimentación, es de relevancia crítica, y contribuye a comprender las dinámicas de transmisión de arbovirus (Alcaide *et al.* 2009; Brugman *et al.* 2017), identificar reservorios, desarrollar estrategias adecuadas de control de vectores y controlar brotes de enfermedades emergentes y reemergentes. (Chaves *et al.* 2010; Garcia-Rejon *et al.* 2010; Zhong-Ming *et al.* 2012; Xiao-Xia *et al.* 2014; Hernández-Triana *et al.* 2021).

Actualmente, en Chile no se dispone de antecedentes que describan la relación entre las preferencias de alimentación de los mosquitos de importancia médica y la transmisión de arbovirus en hospederos humanos y animales. Con el fin de abordar esta falta de información, esta investigación propone describir los patrones de alimentación de *Aedes aegypti* (Linnaeus) presentes en Rapa Nui, mediante el uso de herramientas moleculares. Los resultados permitirán comprender, de mejor manera, la dinámica de las interacciones vector-hospedador-patógeno.

## Descripción del patrón de alimentación de *Aedes aegypti* (Linnaeus)(Diptera: Culicidae) de la Isla de Rapa Nui, Chile.

Jaime Salinas-Torres<sup>1,5</sup>, Christian R. González<sup>2</sup>, Ximena Collao-Ferrada<sup>3</sup>, María Guerra-Zúñiga<sup>4</sup>.

<sup>1</sup> Sociedad de Infectología Veterinaria y Una Salud, INFECVET, Chile.

<sup>2</sup> Instituto de Entomología, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación, Santiago, Chile.

<sup>3</sup> Departamento de Preclínicas Escuela de Medicina, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

<sup>4</sup> Departamento de Salud Pública Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso, Valparaíso, Chile.

<sup>5</sup> Magíster en Ciencias con Mención en Entomología, Instituto de Entomología, UMCE, Santiago, Chile.

Correo electrónico: [jaimesalinastorres@infecvet.cl](mailto:jaimesalinastorres@infecvet.cl)

### Resumen

**Introducción.** Los mosquitos (Diptera: Culicidae) son importantes vectores de patógenos que pueden provocar ciclos de infección y/o enfermedades en humanos y animales. En el año 2000, se reporta, por primera vez, la presencia de *Aedes aegypti* (Linnaeus) en la isla de Rapa Nui; vector de virus como dengue, zika, entre otros. La transmisión de estos agentes infecciosos, entre huéspedes vertebrados, se produce a través del comportamiento hematófago de las hembras, donde la selección del hospedador constituye un factor clave para el éxito del ciclo biológico del vector y del patógeno. Conocer las especies de mosquitos presentes en un área determinada y sus patrones de alimentación -información que no se encuentra disponible para las poblaciones de Rapa Nui-, es fundamental para comprender las dinámicas de transmisión de arbovirus, identificar reservorios, diseñar estrategias efectivas de control vectorial y prevenir brotes de enfermedades emergentes o reemergentes. **Objetivo.** Determinar los patrones de alimentación de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) en la isla de Rapa Nui, mediante la utilización de herramientas moleculares, con la finalidad de aportar información que contribuya a comprender las posibles dinámicas de transmisión de arbovirus. **Materiales y Métodos.** Se colectaron 457 ejemplares adultos de *Ae. aegypti* en Rapa Nui, por medio de seis BG traps, dos Frommer Updraft Gravid Trap, una Improved Prokopack Aspirator, y dos redes entomológicas. Las capturas se realizaron en tres campañas de muestreo, abril, junio y septiembre de 2024. Los ejemplares capturados se identificaron utilizando claves taxonómicas. Posteriormente, se analizaron los abdómenes de las hembras alimentadas mediante PCR convencional, utilizando los cebadores L2513-H2714 (mamíferos) y LO-HO/H1

(aves); y se realizó la secuenciación de los productos de PCR, con el fin de determinar el origen de la sangre ingerida. **Resultados/Discusión.** De los 457 ejemplares capturados, 96 fueron machos y 361 fueron hembras; y de ellas, 30 (8.3%) estaban alimentadas de sangre en diferentes niveles de ingurgitación. De las 30 hembras ingurgitadas que se recolectaron, en 17 de ellas (57%) se pudo identificar la especie hospedera. En 15 muestras (88%) el hospedero fue *Homo sapiens*, mientras que en 2 muestras (12%) el hospedero fue *Canis lupus familiaris*. Estos resultados concuerdan con otras investigaciones, que mencionan que los patrones de alimentación de *Aedes aegypti* son preferentemente antropofílicas. **Conclusiones.** Se evidencia que *Ae. aegypti* de RapaNui, tiene preferencias de alimentación por los mamíferos; siendo su huésped de predilección los humanos (*Homo sapiens*) con 88% de preferencia, y los perros (*Canis lupus familiaris*) con el 12%.

Palabras clave: *Aedes aegypti*, Chile, hospederos, patrones de alimentación, Rapa Nui.

## Abstract

**Introduction.** Mosquitoes (Diptera: Culicidae) are important vectors of pathogens that can cause cycles of infection and/or disease in humans and animals. In the year 2000, the presence of *Aedes aegypti* (Linnaeus) -a vector of viruses such as dengue, Zika, among others- was reported for the first time on Rapa Nui Island. The transmission of these infectious agents among vertebrate hosts occurs through the hematophagous behavior of the females, where host selection constitutes a key factor for the success of the biological cycle of both the vector and the pathogen. Knowing the mosquito species present in a given area and their feeding patterns—information that is not available for the Rapa Nui populations—is fundamental to understanding the dynamics of arbovirus transmission, identifying reservoirs, designing effective vector control strategies, and preventing outbreaks of emerging or re-emerging diseases. **Objective.** To determine the feeding patterns of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) on Rapa Nui Island using molecular tools, in order to provide information that contributes to understanding the possible dynamics of arbovirus transmission. **Materials and Methods.** A total of 457 adult *Ae. aegypti* specimens were collected on Rapa Nui using six BG traps, two Frommer Updraft Gravid Traps, one Improved Prokopack Aspirator, and two entomological nets. Captures were carried out during three sampling campaigns in April, June, and September 2024. Captured specimens were identified using taxonomic keys. Subsequently, the abdomens of the fed females were analyzed by conventional PCR using the primers L2513-H2714 (mammals) and LO-HO/H1 (birds); and the PCR products were sequenced to determine the origin of the ingested blood. **Results/Discussion.** Of the 457 captured specimens, 96 were males and 361 were females; and of the females, 30 (8.3%) were blood-fed at different levels of engorgement. Of the 30 engorged females collected, the host species could be identified in 17 (57%). In 15 samples (88%), the host was *Homo sapiens*, while in 2 samples (12%); the host was *Canis lupus familiaris*. These results align with other research that indicates the feeding patterns of *Aedes aegypti* are preferentially anthropophilic. **Conclusions.** It is evident that *Ae. aegypti* in Rapa Nui exhibits feeding preferences for mammals; with humans (*Homo sapiens*) being the preferred host at 88% preference, and dogs (*Canis lupus familiaris*) at 12%.

**Keywords:** *Aedes aegypti*, Chile, Feeding pattern, hosts, Rapa Nui.

## Introducción

Entre los distintos grupos de vectores, las especies de mosquitos se consideran una de las más eficaces en la transmisión de agentes infecciosos (Viglietta *et al.* 2021). En particular, los mosquitos destacan por su alta relevancia médica, debido a la gran diversidad de arbovirus que algunas especies son capaces de transmitir a humanos y animales (Jones *et al.* 2008; Gubler. 2012; Omondi *et al.* 2015; Hernández-Triana *et al.* 2021).

Los virus transmitidos por artrópodos pertenecen principalmente a cuatro géneros distintos de virus ARN: Alphavirus (virus chikungunya y encefalomiелitis equina oriental), Flavivirus (virus Zika, fiebre amarilla, dengue y virus del Nilo occidental), Orthobunyavirus (virus de la encefalitis de California) y Phlebovirus (virus de la fiebre del Valle del Rift) (Lequime *et al.* 2016).

Algunas especies de mosquitos se alimentan de manera oportunista de una amplia variedad de vertebrados susceptibles. Sin embargo, otros tienen mayor grado de especificidad y se alimentan de un número limitado de especies hospederas (Gibson & Torr 2002, Gonçalves *et al.* 2025). Según los patrones de alimentación selectivos de los mosquitos, y de los requerimientos biológicos de los agentes infecciosos, es probable que la transmisión exitosa de arbovirus, sea el resultado de encuentros no aleatorios, entre vectores competentes, hospederos susceptibles, y procesos de coevolución (Waage 1979; Lehane 2005; Takken & Verhulst 2012; Viglietta *et al.* 2021).

*Aedes aegypti* (Linnaeus, 1762) es una de las especies de mosquitos más prolíficas del mundo, y una de las de mayor impacto en la salud pública y veterinaria. Este vector se encuentra en todos los continentes, excepto en la Antártida; y ha desempeñado un importante papel en varios brotes de enfermedades transmitidas por vectores durante el último siglo (Laporta *et al.* 2023)

En Chile continental, *Aedes aegypti* fue erradicado en la década de 1960, tras haber habitado históricamente la zona comprendida entre Arica y Caldera. Pero el vector ha reemergido; en el continente se han confirmado reintroducciones sucesivas en Arica en el 2016, en Iquique en el 2019, y en la comuna de Los Andes, Región de Valparaíso, en el año 2023; un lugar sin registros previos. También se registra su introducción en el año 2000 en Rapa Nui, donde mantiene su población hasta hoy (Estallo *et al.* 2023; Saint-Pierre *et al.* 2024, Valderrama *et al.* 2025).

La fauna de artrópodos terrestres de Rapa Nui ha sido afectada negativamente por las actividades humanas, lo que ha provocado altos niveles de extinción y extirpación de la fauna nativa (Wynne et al. 2025). Además, el ecosistema de la isla ha sido severamente afectado por la introducción de especies no nativas. En cuanto a la flora, Rapa Nui pasó de un bosque de palmas, a una vegetación dominada por especies no nativas. Con respecto a la fauna de artrópodos, en la isla se han registrado un total de 539 especies, de estas, 52 son nativas, 411 son introducidas y 76 tienen origen desconocido (la mayoría son no nativos). Por lo que se puede mencionar, que tanto la flora y la fauna entomológica de la isla, esta principalmente dominada por especies alóctonas (Wynne et al. 2025)

En relación con los arbovirus en Chile, entre los años 2017 y 2021, se confirmaron 146 casos importados. De ellos, 135 correspondieron a dengue, siete a chikungunya, tres a zika, y un caso a fiebre amarilla. Es importante destacar que todos los casos de chikungunya, zika y fiebre amarilla fueron importados. En cuanto a dengue, 55 casos fueron autóctonos, todos detectados en Rapa Nui; mientras que en la Región de Arica y Parinacota, se registraron dos casos importados de dengue (Ministerio de Salud 2022). Durante el año 2024, se notificaron 301 casos importados de dengue en territorio nacional y dos casos de chikungunya, también importados. Hasta la semana 43 del 2025, se han confirmado 43 casos de dengue importado y tres casos, también importados, de Chikungunya. Además de dos casos importados de Oropouche (Ministerio de Salud 2025).

Conocer el grado de asociación entre los vectores y sus huéspedes, es un indicador importante de la magnitud de la transmisión de enfermedades transmitidas por vectores. Identificar las preferencias del vector proporciona información importante sobre la dinámica de la transmisión de un virus (Alcaide *et al.* 2009; Stein *et al.* 2013; Brugman *et al.* 2017); y, además, ayuda a desarrollar estrategias para el control de vectores, identificar reservorios, y controlar brotes de enfermedades emergentes y reemergentes. (Chaves *et al.* 2010; Garcia-Rejon *et al.* 2010; Zhong-Ming *et al.* 2012; Xiao-Xia *et al.* 2014; Hernández-Triana *et al.* 2021).

Actualmente en Chile, no existen antecedentes sobre la relación entre las preferencias de alimentación de los mosquitos de importancia médica y la transmisión de arbovirus en hospederos humanos y animales. El objetivo de esta investigación es determinar los patrones de alimentación de *Ae. aegypti* en Rapa Nui, mediante la utilización de herramientas moleculares, con la finalidad de aportar información que contribuya a comprender las posibles dinámicas de transmisión de

arbovirus. Por lo tanto, los resultados obtenidos desde este estudio, permitirán evaluar, con mayor precisión, los riesgos existentes que estos vectores pueden tener sobre la salud humana y animal, además de generar conocimientos en la comprensión de la dinámica de las interacciones vector-hospedador-patógeno, en la isla de Rapa Nui. (Kent 2009; Grubaugh *et al.* 2015; Yang *et al.* 2015; Fauver *et al.* 2017; Martínez-de la Puente *et al.* 2018).

## **Metodología**

### ***Área de Estudio***

La isla de Rapa Nui se encuentra ubicada en medio del océano Pacífico, en el extremo este del territorio polinésico (27°09'30 S de latitud y 109°24'14 W de longitud). Se caracteriza por presentar un clima subtropical, con 21°C en promedio anual, y temperaturas mínimas entre los meses de julio-septiembre (aproximadamente 18°C) y máximas de aproximadamente 23°C, durante enero-marzo. (Herrera *et al.* 2008). El promedio anual de precipitaciones es de 1.126 mm, con una variabilidad de 31% sobre el valor medio. Los meses que muestran las mayores variaciones, a lo largo del tiempo, son noviembre y junio. La humedad relativa es bastante constante a lo largo del año (75% a 81% en los valores medios mensuales y 77% como promedio anual), reflejando el carácter oceánico imperante (Ministerio de Agricultura, 2017; Salinas-Torres 2022).

### ***Clasificación de los ambientes estudiados***

La colecta de especímenes se realizó en Rapa Nui, en ambientes urbanos y rurales (Figura 1); donde las zonas con acceso al servicio de agua potable (provista por un sistema de cañerías) se clasificaron como ambientes urbanos (principalmente el poblado de Hanga Roa); mientras que las zonas donde no existe acceso al servicio de agua potable, fueron catalogadas como zonas rurales.



Prokopack Aspirator y de redes entomológicas, es de 120 minutos de esfuerzo humano total diario. En los puntos urbanos de colecta (casas, edificios de organismos gubernamentales, etc.), se utilizó preferentemente BG traps, de 09:00 am a 18:00 pm. Todos los puntos de captura, tanto urbano como rural, eran sectores con presencia habitual de ejemplares de *Ae. aegypti*.

Todos los ejemplares capturados en terreno, fueron almacenados en tubos tipo Falcon de 15ml-50ml, y/o en las cámaras de colecta dispuestas en las mismas trampas.



**Figura 2.** Trampa BG traps (con BG-CO<sub>2</sub> Powder), utilizada para la captura de ejemplares adultos de *Ae. aegypti*. Dispuesta en Terrenos abandonados de Vaitea.



**Figura 3.** Trampa Frommer Updraft Gravid Trap, con infusión de hierbas como atrayente, para la captura de ejemplares adultos y grávidas de *Aedes aegypti*. Dispuesta en Centro de reciclaje de Orito.



**Figura 4.** Colecta de ejemplares adultos de *Ae. aegypti* por medio de la Improved Prokopack Aspirator, en el sector de Vaitea, Rapa Nui.



**Figura 5.** Captura de ejemplares adultos de *Ae. aegypti* con red entomológica en el sector de Vai Kirea, Rapa Nui.

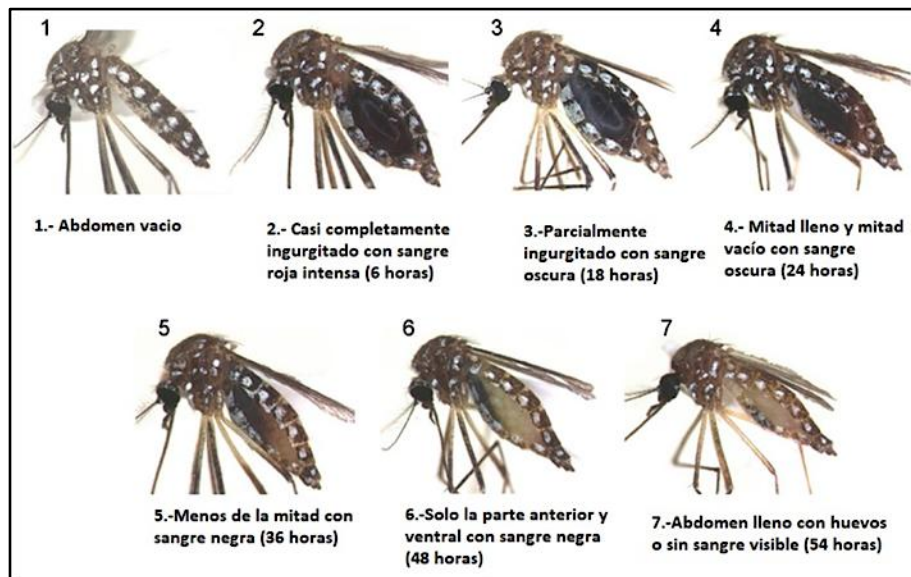
### ***Procesamiento del material e Identificación morfológica***

Los mosquitos recolectados se sacrificaron a la exposición de frío (-20°C) durante 60 min (MacMillan *et al.* 2015), y luego traspasados a microtubos tapa rosca, para su posterior identificación morfológica.

Se identificaron los ejemplares dispuestos en placas Petri, observándolos bajo lupa estereoscópica marca Euromex, modelo StereoBlue SB.1302, y utilizando claves taxonómicas (González *et al.* 2016; González *et al.* 2023).

### ***Clasificación de hembras ingurgitadas***

El grado de digestión de la sangre ingurgitada se clasificó según la escala de Sella (Detinova *et al.* 1962; Santos *et al.* 2019) (Figura 6): I. Abdomen vacío, II. Casi completamente ingurgitado con sangre roja intensa (6 h), III. Parcialmente ingurgitado con sangre oscura (18 h), IV. Prácticamente medio lleno y medio vacío con sangre oscura (24 h), V. Menos de la mitad con sangre negra (36 horas), VI. Solo la parte anterior y ventral con sangre negra (48 h), VII. Abdomen lleno, con huevos o sin sangre visible (54 h).



**Figura 6.** Escala de Sella (Santos *et al.* 2019), utilizada como referencia para efectuar la clasificación de las hembras de *Ae. aegypti* ingurgitadas en Rapa Nui.

Una vez identificados, los ejemplares alimentados se dispusieron en tubos estériles de microcentrifuga de 1.5 ml, de manera individual (un ejemplar por tubo), con su respectiva identificación de especie, sitio y fecha de recolección. Los mosquitos no alimentados, se agruparon en tubos estériles de microcentrifuga de 1.5 ml, según su especie, sexo, sitio y fecha de recolección. Todos los mosquitos recolectados se conservaron en refrigeración a  $-80^{\circ}\text{C}$ , hasta su utilización.

### ***Extracción de ADN e identificación de Hospederos***

Para iniciar el proceso de identificación de hospederos, se separó el abdomen de los mosquitos alimentados, y se dispusieron en tubos estériles de microcentrifuga de 1.5 ml. Luego se trituraron individualmente (en los mismos tubos), en 200  $\mu\text{l}$  de buffer ATL, más 20  $\mu\text{l}$  de proteinasa K; las que se mezclaron mediante vortex e incubaron a  $56^{\circ}\text{C}$ . Todo del proceso de extracción de ADN se realizó siguiendo las instrucciones del laboratorio fabricante del kit Qiagen DNeasy Blood and Tissue (Qiagen, CA, USA).

El ADN del hospedero se amplificó mediante PCR convencional (Ngo & Kramer. 2003) y las muestras se analizaron con cebadores dirigidos al ARNr 16S y a los genes del citocromo b (Tabla 1) (Townzen *et al.* 2008). Se utilizaron los cebadores L2513/H2714 (Kitano *et al.* 2007), dirigidos al ARNr 16S, para la identificación de mamíferos, y los cebadores L0/H1 y L0/H0 (Lee *et al.* 2008), ambos dirigidos a la misma región del gen del citocromo b (Blosser *et al.* 2016) para la identificación de aves.

Las cantidades y reactivos utilizados fueron: 12.5µl de GoTaq® Master Mixes (Promega, USA), 8µl de agua de grado molecular, 2.5µl de DNA y 1µl de cada cebador (20µM). El protocolo de ciclado para los cebadores L2513/H2714 (Kitano *et al.* 2007), fue de 95°C durante 4 min, 35 ciclos de 95°C durante 30 s, 57°C durante 30 s, 72°C durante 30 s e incubación a 72°C durante 7 min. El protocolo para los cebadores L0/H1 (Lee *et al.* 2008) fue de 94°C durante 5 min, 35 ciclos a 94°C durante 30 s, 60°C durante 45 s, 72°C durante 1 min, e incubación a 72°C durante 7 min; y el protocolo para los cebadores L0/H0 (Lee *et al.*, 2008) fue de 94°C durante 5 min, 35 ciclos a 94°C durante 30 s, 55°C durante 45 s, 72°C durante 1 min, e incubación a 72°C durante 7 min.

Todos los análisis fueron por PCR convencional y los productos de PCR se visualizaron en gel de agarosa al 2%, mediante electroforesis a 100v, durante 35 min; para observar las bandas se utilizó un transiluminador de luz azul. La concentración de ADN se midió utilizando el equipo de espectrofotometría NP80 de Implen (Alemania).

Los amplicones obtenidos en la reacción de PCR fueron purificados utilizando perlas magnéticas AMPure XP (Beckman Coulter, Estados Unidos) siguiendo las instrucciones del fabricante. Este procedimiento permitió la eliminación eficiente de contaminantes, incluyendo primers remanentes, nucleótidos no incorporados y otras impurezas que pudieran interferir con la secuenciación posterior. Brevemente, la purificación se llevó a cabo utilizando un sistema de separación magnética, donde los fragmentos de ADN se unieron a las perlas en presencia de una solución buffer, seguida de dos lavados con etanol al 80% para remover residuos no deseados. Finalmente, los fragmentos purificados fueron eluidos en agua libre de nucleasas, y nuevamente cuantificadas por espectrofotometría.

Posteriormente, los productos purificados fueron sometidos a secuenciación mediante el método de Sanger utilizando el kit BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing, según las instrucciones del fabricante, utilizando los primers de la amplificación de cada fragmento para la PCR asimétrica. La lectura de las secuencias se realizó en equipo SeqStudio Genetic Analyzer (ThermoFisher Scientific, Estados Unidos). Los datos crudos obtenidos fueron procesados con el software del equipo (Sequencing Analysis Software v6), permitiendo la obtención de electroferogramas de alta resolución para su posterior análisis.

Todo el análisis de secuenciación fue realizado por el Laboratorio de Genómica UV, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso, Chile.

La determinación de especies hospederas a partir de las secuencias de nucleótidos obtenidas, se realizó mediante la función de Standard Nucleotide BLAST® (GenBank, NCBI). Solo las secuencias con una similitud  $\geq 95\%$ , y con conocimientos sobre si la especie identificada habita en las cercanías del sitio de recolección de muestras, se consideraron y confirmaron como identidad del hospedero.

**Tabla 1.** Cebadores utilizados para la identificación de la sangre del hospedador en *Aedes aegypti*.

Primer	Secuencia	Tamaño del amplicón (pb)	Referencia
L2513 H2714	GCCTGTTTACCAAAAACATCAC CTCCATAGGGTCTTCTCGTCTT	300	Kitano <i>et al.</i> (2007)
L0 H1	GGACAAATATCATTCTGAGG GGGTGTTCTACTGGTTGGCTTCC	220	Lee <i>et al.</i> (2008)
L0 H0	GGACAAATATCATTCTGAGG GGGTGGAATGGGATTTTGTGTC	589	Lee <i>et al.</i> (2008)

## Resultados y Discusión

De los 457 ejemplares de *Aedes aegypti* colectados, 96 eran machos y 361 eran hembras; y de ellas, 30 (8.3%) estaban alimentadas de sangre en diferentes niveles de ingurgitación (Tabla 2).

En base a la escala de Sella (Santos *et al.* 2019), 12 ejemplares se encontraban entre las etapas II y III, 10 ejemplares entre las etapas IV y V, y 8 ejemplares entre las etapas VI y VII. Los ejemplares alimentados, que se encontraban entre los niveles II y V, condujeron a una amplificación de ADN y a una identificación de especie más exitosa (Tabla 2).

De las 30 hembras ingurgitadas que se recolectaron, en 17 (57%) se pudo identificar la especie hospedera. En 15 de las 17 muestras (88%) el hospedero fue *Homo sapiens*, mientras que en dos muestras (12%) el hospedero fue *Canis lupus familiaris* (Figura 7). Todas las muestras identificadas como sangre humana, se encontraron en lugares con presencia habitual de personas, ya sea en residencias, trabajo o actividades turísticas. En cambio, las muestras identificadas como sangre canina, provinieron de lugares donde se mantenían perros como mascota.

En este estudio, la efectividad de la amplificación dependió del grado de ingurgitación de los ejemplares alimentados, siendo los de resultados más exitosos los que se encontraban entre los niveles II y III de la escala de Sella; lo que coincide con lo mencionado en algunos estudios que corroboran que a mayor grado de digestión, menor es el éxito en la amplificación, ya sea en estudios de campo (Tuten *et al.* 2012; Martínez-de la Puente *et al.* 2013; Brugman *et al.* 2017), como en investigaciones en laboratorio (Mukabana *et al.* 2002; Oshaghi *et al.* 2006; Reeves *et al.* 2016).

Los mamíferos fueron la principal fuente de alimentación de *Ae. aegypti* de Rapa Nui, lo que es consistente con lo mencionado en estudios previos que sugieren patrones de alimentación de las mismas características (Siriyaatien *et al.* 2010; Sivan *et al.* 2015; Bursali & Touray. 2024; Gonçalves *et al.* 2025).

Todos los puntos geográficos donde se identificó la procedencia de la sangre de los ejemplares, eran lugares donde había presencia de personas (como residencia permanente o turismo), lo que coincide con lo mencionado en investigaciones sobre la preferencia de *Ae. aegypti* por alimentarse de humanos, por sobre otros animales, aun cuando las personas no se encuentren de manera permanente en un lugar (Pruszyński *et al.* 2020; Sene *et al.* 2022).

*Aedes aegypti* es el principal vector de virus como el dengue (que ya ha tenido casos autóctonos en

la isla), zika, chikungunya y fiebre amarilla. La marcada preferencia del vector por la sangre humana (conocida como antropofilia) es el factor biológico más crítico en la propagación de enfermedades en Rapa Nui (tal como lo evidencia esta investigación); y donde el ciclo de transmisión urbano de los arbovirus, se caracteriza por ser hombre-vector-hombre (De Benedictis *et al.* 2003). La alta preferencia por el humano (88% en este estudio) significa que el mosquito se alimenta repetidamente de las personas, asegurando que el virus pase de un humano infectado al vector, y luego rápidamente a un humano susceptible, manteniendo la circulación viral.

La tendencia a la antropofilia, sumada a la posibilidad de que un solo mosquito se alimente de varias personas diferentes durante un mismo ciclo de alimentación (comportamiento de "alimentación múltiple"), incrementa drásticamente la tasa de infección dentro de la población.

El estudio establece que la población de mosquitos en la isla es altamente competente para la transmisión viral debido a este patrón de alimentación. Esto convierte a los humanos en la isla, tanto residentes como turistas, en el principal reservorio y amplificador de cualquier brote de arbovirus que ingrese. Conocer este patrón es fundamental para el diseño de estrategias de control vectorial que se centren en la vivienda y los entornos humanos, como el uso de trampas (como las BG traps utilizadas en este trabajo) y la educación sobre la eliminación de criaderos domésticos. En resumen, la conclusión de que *Ae. aegypti* en Rapa Nui es predominantemente antropofílico no solo confirma su importancia médica, sino que también traduce la preferencia biológica en un alto riesgo epidemiológico para la salud pública.

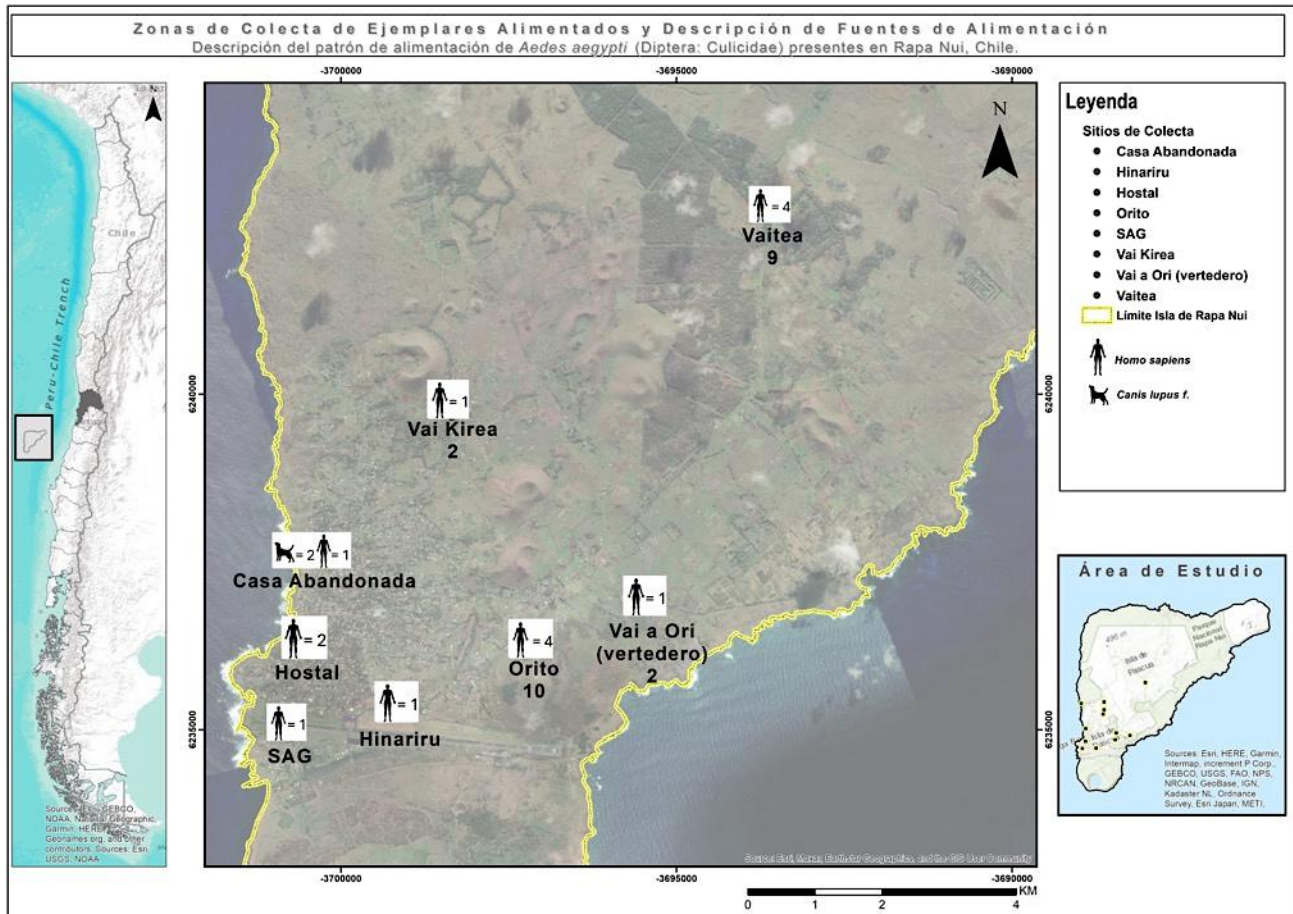
Dado que este estudio se centró en puntos específicos de áreas urbanas y rurales de Rapa Nui, futuras investigaciones deberían ampliar la cobertura geográfica de los muestreos para abarcar la totalidad de la isla. Una mayor representatividad espacial permitiría identificar si existen nichos ecológicos particulares donde la interacción vector-hospedero varíe. Esta expansión geográfica es crucial para mapear con precisión las zonas de mayor riesgo epidemiológico y optimizar las estrategias de control focalizado en áreas de alta densidad de interacción humano-mosquito.

Estudios futuros podrían emplear técnicas de secuenciación masiva (NGS) o cebadores más específicos para detectar la ingesta de sangre de otros animales (como reptiles) que no fueron detectados en este análisis. Esto permitiría determinar si *Ae. aegypti* en Rapa Nui actúa como un puente epidemiológico más complejo, facilitando potencialmente la circulación de arbovirus entre animales domésticos, fauna sinantrópica y humanos.

Los muestreos realizados en abril, junio y septiembre de 2024 brindan una visión valiosa, pero limitada a un ciclo anual específico. Se propone el desarrollo de estudios longitudinales que analicen la variación interanual y estacional de los patrones de alimentación durante varios años. Evaluar cómo los cambios en las variables climáticas de la isla (como precipitaciones y humedad) influyen en la disponibilidad de hospederos y en la tasa de ingurgitación de las hembras es fundamental. Un análisis de la dinámica temporal permitiría predecir periodos de máxima incidencia de transmisión de arbovirus, facilitando una respuesta sanitaria preventiva más robusta.

**Tabla 2.** Análisis e identificación de especies desde ejemplares alimentados de *Aedes aegypti* de Rapa Nui. Sin Banda: -, Banda Levemente Marcada: +, Banda Marcada: ++, Banda Intensamente Marcada: +++. Escala 2-3 (6-18h): \*\*\*, Escala 4-5 (24-36h): \*\*, Escala 6-7 (48-54h): \*

N°	Fecha de recolección	Lugar de obtención	Georeferencia	PCR L2513/H2714	Escala de Salle	Secuenciación
1.-	05/04/24	SAG	654997.08mE/6995249.92mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
2.-	06/04/24	Vertedero	659492.91mE/6994719.93mS	-	*	-
3.-	06/04/24	Hostal	655512.18mE/6995753.66mS	+++	***	<i>Homo sapiens</i>
4.-	06/04/24	Hostal	655512.18mE/6995753.66mS	++	**	<i>Homo sapiens</i>
5.-	06/04/24	Vertedero	659492.91mE/6994719.93mS	++	**	<i>Homo sapiens</i>
6.-	07/04/24	Vai Ki Rea	658171.48mE/6997777.46mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
7.-	07/04/24	Vai Ki Rea	658171.48mE/6997777.46mS	-	*	-
8.-	07/04/24	Hinariru	656170.89mE/6994796.98mS	+++	***	<i>Homo sapiens</i>
9.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
10.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
11.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	*	-
12.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	*	-
13.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	**	-
14.-	02/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	**	<i>Homo sapiens</i>
15.-	03/06/24	Casa abandonada	655960.00mE/6996834.23mS	+++	***	<i>Canis lupus f.</i>
16.-	03/06/24	Casa abandonada	655960.00mE/6996834.23mS	+	**	<i>Homo sapiens</i>
17.-	03/06/24	Casa abandonada	655960.00mE/6996834.23mS	++	***	<i>Canis lupus f.</i>
18.-	03/06/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+++	***	<i>Homo sapiens</i>
19.-	03/06/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	++	**	<i>Homo sapiens</i>
20.-	05/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	++	*	-
21.-	05/06/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	-	*	-
22.-	26/09/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	**	-
23.-	26/09/24	Orito	658088.53mE/6994843.11mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
24.-	27/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
25.-	27/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	-	*	-
26.-	27/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+	**	-
27.-	27/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+	***	<i>Homo sapiens</i>
28.-	28/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+	**	-
29.-	29/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	+	**	-
30.-	29/09/24	Vaitea	662624.16mE/6998681.37mS	-	*	-



**Figura 7.** Puntos de colecta de ejemplares alimentados y las fuentes de alimentación detectadas en los ejemplares de *Ae. aegypti*.

## Conclusiones

Este trabajo representa la primera investigación para determinar los patrones de alimentación de *Ae. aegypti* en Rapa Nui -y en Chile-, utilizando herramientas moleculares como PCR y secuenciación.

Los hallazgos de esta investigación indican una marcada preferencia trófica por mamíferos en la población de *Aedes aegypti* de Rapa Nui. Esta antropofilia se confirma dado que el 88% de los análisis de alimentación identificaron al *Homo sapiens* como el huésped principal. Además, el perro (*Canis lupus familiaris*) fue identificado como un huésped secundario en el 12% de las muestras. Aunque minoritario, este patrón de alimentación dual (humano y animal) subraya la importancia de aplicar el concepto "One Health", ya que proporciona datos cruciales para la vigilancia de enfermedades zoonóticas que pueden circular entre humanos y animales en la isla.

Este patrón de alimentación establece una conexión directa y eficiente para el ciclo de transmisión urbana de arbovirus (Humano → Mosquito → Humano), lo que confirma el alto riesgo que el vector representa para la salud pública en la isla.

Estos resultados evidencian los riesgos existentes que este vector representa para la salud humana y animal, y proporcionan el primer dato concreto y medible sobre la interacción vector-hospedero-patógeno en la isla; lo que permite a las autoridades sanitarias poder evaluar con mayor precisión el riesgo de brotes de enfermedades, diseñar estrategias de control vectorial más efectivas y dirigidas tanto a los entornos domésticos-urbanos (donde se concentra el contacto entre el mosquito y el ser humano), como rurales de Rapa Nui.

El estudio establece que la población de mosquitos en la isla es altamente competente para la transmisión viral debido a este patrón de alimentación. Esto convierte, tanto a los turistas, como a los residentes de Rapa Nui, en el principal reservorio y amplificador de cualquier brote de arbovirus que ingrese a la isla. Conocer este patrón es fundamental para el diseño de estrategias de control vectorial que se centren en la vivienda y los entornos humanos, como el uso de trampas (como las BG traps utilizadas durante la investigación) y la educación sobre la eliminación de criaderos domésticos. La conclusión de que *Ae. aegypti* en Rapa Nui es predominantemente antropofílico no solo confirma su importancia médica, sino que también traduce la preferencia biológica en un alto riesgo epidemiológico para la salud pública.

En esencia, este estudio transforma la presencia conocida del mosquito en Rapa Nui en un riesgo epidemiológico cuantificado, proporcionando la base científica necesaria para la toma de decisiones en salud en la isla.

## Referencias

- Alcaide, M., Rico, C., Ruiz, S., Soriguer, R., Muñoz, J. (2009). Disentangling Vector-Borne Transmission Networks: A Universal DNA Barcoding Method to Identify Vertebrate Hosts from Arthropod Bloodmeals. *PLOS ONE*, 4(9): e7092. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0007092>
- Blosser, E., Stenn, T., Acevedo, C., Burkett-Cadena, N. (2016). Host use and seasonality of *Culex (Melanoconion) iolambdis* (Diptera: Culicidae) from eastern Florida, USA. *Acta Tropica*, 164: 352–359. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2016.10.001>
- Brugman, V., Hernández-Triana, L., England, M., Medlock, J., Mertens, P., Logan, J., Wilson, A., Fooks, A., Johnson, N., Carpenter, S. (2017). Blood-feeding patterns of native mosquitoes and insights into their potential role as pathogen vectors in the Thames estuary region of the United Kingdom. *Parasites and Vectors*, 10: 163. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2098-4>
- Bursali, F., & Touray, M. (2024). The complexities of blood-feeding patterns in mosquitoes and sandflies and the burden of disease: A minireview. *Veterinary Medicine and Science*, 10: e1580. <https://doi.org/10.1002/vms3.1580>
- Chaves, L., Harrington, L., Keogh, C., Nguyen, A., Kitron, U. (2010). Blood feeding patterns of mosquitoes: random or structured?. *Frontiers in Zoology*, 7: 3. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-3>
- Conway, M., Colpitts, T., Fikrig, E. (2014). Role of the Vector in Arbovirus Transmission. *Annual Review of Virology*, 1: 71–88. <https://doi.org/10.1146/annurev-virology-031413-085513>
- Coulson, R., Curtis, C., Ready, P., Hill, N., Smith, D. (1990). Amplification and analysis of human DNA present in mosquito bloodmeals. *Medical and Veterinary Entomology*, 4(4): 357–366. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1990.tb00452.x>
- De Benedictis, J., Chow-Shaffer, E., Costero, A., Clark, G., Edman, J., Scott, T. (2003). Identification of the people from whom engorged *Aedes aegypti* took blood meals in Florida, Puerto Rico, using polymerase chain reaction-based DNA profiling. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 68(4): 437–446.
- Diaz, L., Flores, F., Quaglia, A., Contigiani, M. (2013). Intertwined arbovirus transmission activity: reassessing the transmission cycle paradigm. *Frontiers in Physiology*, 3: <https://doi.org/10.3389/fphys.2012.00493>
- Detinova, T., Bertram, D., & World Health Organization. (1962). Age-grouping methods in diptera of medical importance, with special reference to some vectors of malaria / T. S. Detinova ; [with] an Annex on the ovary and ovarioles of mosquitos (with glossary) by D. S. Bertram. World Health Organization 47. 216 pp. <https://iris.who.int/handle/10665/41724>

- Estallo, E., Sippy, R., Robert, M., Ayala, S., Barboza, C., Pérez-Estigarribia, P., Stewart-Ibarra, A. (2023). Increasing arbovirus risk in Chile and neighboring countries in the Southern Cone of South America. *The Lancet Regional Health-Americas*, 23: 100542. <https://doi.org/10.1016/j.lana.2023.100542>
- Fauver, J., Gendernalik, A., Weger-Lucarelli, J., Grubaugh, N., Brackney, D., Foy, B., Ebel, G. (2017). The Use of Xenosurveillance to Detect Human Bacteria, Parasites, and Viruses in Mosquito Bloodmeals. *The American Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 97(2): 324–329. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.17-0063>
- Garcia-Rejon, E., Blitvich, J., Farfan-Ale, A., Loroño-Pino, A., Chi, A., Flores-Flores F., Rosado-Paredes, E., Baak-Baak, C., Perez-Mutul, J., Suarez-Solis, V., Fernandez-Salas, I., Beaty, J. (2010). Host-feeding preference of the mosquito, *Culex quinquefasciatus*, in Yucatan State, Mexico. *Journal of Insect Science*, 10(1): 32. <https://doi.org/10.1673/031.010.3201>
- Gibson, G., Torr, S. (2002). Visual and olfactory responses of haematophagous Diptera to host stimuli. *Medical and Veterinary Entomology*, 13(1): 2–23. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2915.1999.00163.x>
- Gonçalves, G., Oliveira, i., Cardoso, D., Moitinho, T., Burkett-Cadena, N., Alves, N., Pauvolid-Corrêa, A., Barreto, F. (2025). Blood-feeding patterns of mosquitoes (Diptera: Culicidae) collected in an area of high arbovirus transmission in West-Central Brazil, *Journal of Medical Entomology*, 62(4): 914–920. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaf041>.
- González, C.R., Reyes, C., Jercic, M., Rada, V., Saldarriaga, M., Pavletic, C., Parra, A. (2016). Manual de culícidos (Diptera: Culicidae) de la zona norte y centro de Chile, incluyendo Isla de Pascua. Ministerio de Salud. Chile. 95 pp.
- González, C.R., Reyes-Valenzuela, C., Rossi, G., Laurito, M. (2023). Revalidation of *Phalangomyia* Dyar & Knab as a subgenus of *Culex* L. (Diptera: Culicidae) based on morphological and molecular evidence. *Zootaxa*, 5256(6): 544–564. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5256.6.2>
- Grubaugh, N., Sharma, S., Krajacich, B., Fakoli, L., Fantorma, B., Diclaro, J., Johnson, E., Ebel, G., Foy, B., Brackney, D. (2015). Xenosurveillance: A Novel Mosquito-Based Approach for Examining the Human-Pathogen Landscape. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 9(3): e0003628. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003628>
- Gubler, D. (2012). The Global Emergence/Resurgence of Arboviral Diseases As Public Health Problems. *Archives of Medical Research*, 33(4): 330–342. [https://doi.org/10.1016/S0188-4409\(02\)00378-8](https://doi.org/10.1016/S0188-4409(02)00378-8)

- Hernández-Triana, L., Garza-Hernández, J., Ortega, A., Prosser, S., Hebert, P., Nikolova, N., Barrero, E., de Luna-Santillana, E., González-Álvarez, V., Mendez-Lopez, R., Chan-Chable, R., Fooks, A., Rodríguez-Pérez, M. (2021). An Integrated Molecular Approach to Untangling Host–Vector–Pathogen Interactions in Mosquitoes (Diptera: Culicidae) From Sylvan Communities in Mexico. *Frontiers in Veterinary Science*, 7: 564791. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.564791>
- Herrera, C., Custodio, E. (2008). Conceptual hydrogeological model of volcanic Easter Island (Chile) after chemical and isotopic surveys. *Hydrogeology Journal*, 16: 1329–1348. <https://doi.org/10.1007/s10040-008-0316-z>
- Jones, K., Patel, N., Levy, M., Storeygard, A., Balk, D., Gittleman, J., Daszak, P. (2008). Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451: 990–993. <https://doi.org/10.1038/nature06536>
- Kent, R. (2009). Molecular methods for arthropod bloodmeal identification and applications to ecological and vector-borne disease studies. *Molecular Ecology Resources*, 9(1): 4-18. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02469.x>
- Kitano, T., Umetsu, K., Tian, W., Osawa, M. (2007). Two universal primer sets for species identification among vertebrates. *International Journal of Legal Medicine*, 121: 423–427. <https://doi.org/10.1007/s00414-006-0113-y>
- Laporta, G., Potter, A., Oliveira, J., Bourke, B., Pecor, D., & Linton, Y. (2023). Global Distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in a Climate Change Scenario of Regional Rivalry. *Insects*, 14(1): 49. <https://doi.org/10.3390/insects14010049>
- Lee, J., Tsai, L., Huang, M., Jhuang, J., Yao, C., Chin, S., Wang, L., Linacre, A., Hsieh, H. (2008). A novel strategy for avian species identification by cytochrome b gene. *Electrophoresis*, 29(11): 2413–2418. <https://doi.org/10.1002/elps.200700711>
- Lehane, M.J. (2005). *The Biology of Blood-Sucking Insects*. Second edition. Cambridge, UK: Cambridge University Press. 337 pp. Disponible en: <https://share.google/7K5IGBHtgFfgccFiK>
- Lequime S., Paul, R., Lambrechts, L. (2016). Determinants of Arbovirus Vertical Transmission in Mosquitoes. *PLOS Pathogens*, 12(5): e1005548. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005548>
- MacMillan, H., Baatrup, E., Overgaard, J. (2015). Concurrent effects of cold and hyperkalaemia cause insect chilling injury. *Proceedings of the Royal Society B*, 282(1817): 20151483. <https://doi.org/10.1098/rspb.2015.1483>
- Martínez-de la Puente, J., Ferraguti, M., Ruiz, S., Montalvo, T., Soriguer, R., Figuerola, J. (2018). Tracing Pathogen Transmission by Mosquitoes under a Global Change Perspective: On the Role of the Identification of Mosquito Bloodmeals. *Encyclopedia of Life Sciences*. In eLS, John Wiley & Sons, Ltd (Ed.). <https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0028179>

- Martínez-de la Puente, J., Ruiz, S., Soriguer, R., Figuerola, J. (2013). Effect of blood meal digestion and DNA extraction protocol on the success of blood meal source determination in the malaria vector *Anopheles atroparvus*. *Malaria Journal*, 12: 109. <https://doi.org/10.1186/1475-2875-12-109>
- Melgarejo-Colmenares, K., Cardo, M., & Vezzani, D. (2022). Blood feeding habits of mosquitoes: hardly a bite in South America. *Parasitology research*, 121: 1829–1852. <https://doi.org/10.1007/s00436-022-07537-0>
- Ministerio de Agricultura, Corporación Nacional Forestal, Unidad de Gestión de Patrimonio Silvestre. (2017). Plan de Manejo Parque Nacional Rapanui (Rapanui National Park Management Plan). [Internet]; 148 pp. Disponible en: <https://www.conaf.cl/centro-documental/plan-de-manejo-del-pn-rapa-nui/>
- Ministerio de Salud, Departamento de Epidemiología, Subsecretaría de Salud Pública. (2022). Informe Epidemiológico. Arbovirus. 2017–2021. 11 pp. Disponible en: [http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/11/Arbovirus-Chile-31-07-2022\\_v9-28-10.pdf](http://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2022/11/Arbovirus-Chile-31-07-2022_v9-28-10.pdf)
- Ministerio de Salud, Departamento de Epidemiología, Subsecretaría de Salud Pública, Oficina de Vigilancia de Enfermedades Transmisibles. (2025). Boletín Epidemiológico Semanal Arbovirus (Dengue, Zika, Chikungunya, Fiebre Amarilla) y Malaria SE 43–2025. 15 pp. Disponible en: [https://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2025/10/Boletin\\_Epidemiologico\\_Arbovirus\\_Malaria\\_SE\\_43\\_2025.pdf](https://epi.minsal.cl/wp-content/uploads/2025/10/Boletin_Epidemiologico_Arbovirus_Malaria_SE_43_2025.pdf)
- Mukabana, W., Takken, W., Seda, P., Killeen, G., Hawley, W., Knols, B. (2002). Extent of digestion affects the success of amplifying human DNA from blood meals of *Anopheles gambiae* (Diptera: Culicidae). *Bulletin of Entomological Research*, 92(3) :233–239. <https://doi.org/10.1079/BER2002164>
- Ngo, K., Kramer, L. (2003). Identification of mosquito bloodmeals using polymerase chain reaction (PCR) with order-specific primers. *Journal of Medical Entomology*, 40(2): 215–222. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.2.215>
- Omondi, D., Masiga, D., Ukamaka, Y., Burtram, C., Labán, N., Jandouwe, V. (2015). Unraveling Host-Vector-Arbovirus Interactions by Two-Gene High Resolution Melting Mosquito Bloodmeal Analysis in a Kenyan Wildlife-Livestock Interface. *PLOS ONE*, 10(7): e0134375 <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134375>
- Oshaghi, M., Chavshin, A., Vatandoost, H., Yaaghoobi, F., Mohtarami, F., Noorjah, N. (2006). Effects of post-ingestion and physical conditions on PCR amplification of host blood meal DNA in mosquitoes. *Experimental Parasitology*, 112(4): 232–236. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2005.11.008>

- Petersen, E., Wilson, M.E., Touch, S., McCloskey, B., Mwaba, P., Bates, M., Dar, O., Mattes, F., Kidd, M., Ippolito, G., Azhar, E., Zumla, A. (2016). Rapid spread of zika virus in the Americas – implications for public Health preparedness for mass gatherings at the 2016 Brazil Olympic games. *International Journal of Infectious Diseases*, 44: 11–15. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.02.001>
- Pruszyński, C., Stenn, T., Acevedo, C., Leal, A., Burkett-Cadena, N. (2020). Human Blood Feeding by *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) in the Florida Keys and a Review of the Literature. *Journal of Medical Entomology*, 57(5): 1640–1647. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa083>
- Reeves, L., Holderman, C., Gillett-Kaufman, J., Kawahara, A., Kaufman, P. (2016). Maintenance of host DNA integrity in field-preserved mosquito (Diptera: Culicidae) blood meals for identification by DNA barcoding. *Parasites & Vectors*, 9: 503. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1791-z>
- Rodríguez-Valencia, V., Olive, M.-M., Le Goff, G., Faisse, M., Bourel, M., L'Ambert, G. et al. (2025). Host-feeding preferences of *Culex pipiens* and its potential significance for flavivirus transmission in the Camargue, France. *Medical and Veterinary Entomology*, 39(3): 614–625. <https://doi.org/10.1111/mve.12802>
- Saint-Pierre, G., Guzmán-Rodríguez, M., Lizama-Marín, L., Ampuero Llanos, S. (2024). Dengue en Chile: ¿Qué debemos saber ahora que *Aedes aegypti* habita en un amplio territorio de Chile continental?. *Revista chilena de infectología*, 41(3): 385–394. <https://dx.doi.org/10.4067/s0716-10182024000300123>
- Salinas-Torres, J. (2022). Primer reporte sobre West Nile virus en aves domésticas de Rapa Nui: Probabilidad de ocurrencia de una posible emergencia sanitaria [Trabajo de Fin de Máster inédito]. Universidad de Oviedo. 50 pp. Disponible en: <https://digibuo.uniovi.es/dspace/handle/10651/69331>
- Santos, C., Pie, M., da Rocha, T., Navarro-Silva, M. (2019). Molecular identification of blood meals in mosquitoes (Diptera, Culicidae) in urban and forested habitats in southern Brazil. *PLOS ONE*, 14(2): e0212517. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0212517>
- Schaffner, F., Medlock, J.M., Bortel, W. (2013). Public health significance of invasive mosquitoes in Europe. *Clinical Microbiology and Infection*, 19(8): 685–692. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12189>
- Schonenberger, A., Wagner, S., Tuten, H., Schaffner, F., Torgerson, P., Furrer, S., Matis, A., Silaghi, C. (2015). Host preferences in host-seeking and blood-fed mosquitoes in Switzerland. *Medical and Veterinary Entomology*, 30(1): 39–52. <https://doi.org/10.1111/mve.12155>

- Sene, N., Diouf, B., Gaye, A., Ndiaye, E., Ngom, E., Gueye, A., Seck, F., Diagne, C., Dia, I., Diallo, D., Diallo, M. (2022). Blood Feeding Patterns of *Aedes aegypti* Populations in Senegal. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 106(5): 1402–1405. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.21-0508>
- Siriyasatien, P., Pengsakul, T., Kittichai, V., Phumee, A., Kaewsaitiam, S., Thavara, U., Tawatsin, A., Asavadachanukorn, P., Mulla, M. (2010). Identification of blood meal of field caught *Aedes aegypti* (L.) by multiplex PCR. *The Southeast Asian journal of tropical medicine and public health*, 41(1): 43–47. Disponible en: <https://share.google/U54KnXCcPwb8je3Ln>
- Sivan, A., Shriram, A., Sunish, I., Vidhya, P. (2015). Host-feeding pattern of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in heterogeneous landscapes of South Andaman, Andaman and Nicobar Islands, India. *Parasitology Research*, 114: 3539–3546. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4634-5>
- Stein, M., Zalazar, L., Willener, J., Ludueña, F., Almirón, R. (2013). Culicidae (Diptera) selection of humans, chickens and rabbits in three different environments in the province of Chaco, Argentina. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 108(5): 563–571. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762013000500005>
- Takken, W., Verhulst N. (2012). Host preferences of blood-feeding mosquitoes. *Annual Review of Entomology*, 58:433–453. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-120811-153618>
- Townzen, J., Brower, A., Judd, D. (2008). Identification of mosquito bloodmeals using mitochondrial cytochrome oxidase subunit I and cytochrome b gene sequences. *Medical and Veterinary Entomology*, 22(4): 386–393. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2008.00760.x>
- Tuten, H., Bridges, W., Paul, K., Adler, P. (2012). Blood-feeding ecology of mosquitoes in zoos. *Medical and Veterinary Entomology*, 26(4): 407–416. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2012.01012.x>
- Valderrama, L., Llanos, L., Fernández, J., Castillo, A. y Reyes, C. (2025). *Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus, 1762) (Diptera: Culicidae) en la Región de Valparaíso: nuevo y más austral registro en Chile continental. *Revista Chilena de Entomología*, 51(3): Disponible en: <https://www.biotaxa.org/rce/article/view/87523>
- Viglietta, M., Bellone, R., Blisnick, A., Failloux, A. (2021). Vector Specificity of Arbovirus Transmission. *Frontiers in Microbiology*, 12:773211. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.773211>
- Waage, J. (1979). The evolution of insect/vertebrate associations. *Biological Journal of The Linnean Society*, 12(3): 187–224. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.1979.tb00055.x>

- Wynne, J., Howarth, F., Cotoras, D., Rothmann, R., Ríos, S., Valdez, C., Lazo, P., Villagra, C., Flores-Prado, L. (2025). The terrestrial arthropods of Rapa Nui: A fauna dominated by non-native species. *Global Ecology and Conservation*, 57: e03280. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2024.e03280>
- Xiao-Xia, G., Chun-Xiao, L., Gang, W., Zhong, Z., Yan-De, D., Ying-Mei, Z., Dan, X., Tong-Yan, Z. (2014). Host Feeding Patterns of Mosquitoes in a Rural Malaria-Endemic Region in Hainan Island, China. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 30(4): 309–311. <https://doi.org/10.2987/14-6439R.1>
- Yan, J., Gangoso, L., Ruiz, S., Soriguer, R., Figuerola, J., Martínez-de la Puente, J. (2021). Understanding host utilization by mosquitoes: determinants, challenges and future directions. *Biological Reviews*, 96(4): 1367–1385. <https://doi.org/10.1111/brv.12706>
- Yan-Jang, S, Higgs, S., Vanlandingham, D. (2019). Emergence and re-emergence of mosquito-borne arboviruses, *Current Opinion in Virology*, 34: 104–109. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2019.01.001>
- Yang, Y., Garver, L., Bingham, K., Hang, J., Jochim, R., Davidson, S., Richardson, J., Jarman, R. (2015). Feasibility of Using the Mosquito Blood Meal for Rapid and Efficient Human and Animal Virus Surveillance and Discovery. *The American Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 93(6): 1377–1382. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.15-0440>
- Zhong-Ming, W., Dan, X., Zhi-Ming, W., Wen-Jing, Y., Wang, G., Dong-Sheng, X., Yue-Fen, J., Rui-De, X., Yang-De, D., Chun-Xiao, L., Xiao-Xia, G., Ying-Mei, Z., Tong-Yan, Z. (2012). Biting Activity and Host Attractancy of Mosquitoes (Diptera: Culicidae) in Manzhouli, China. *Journal of Medical Entomology*, 49(6): 1283–1288. <https://doi.org/10.1603/ME11131>

## **Agradecimientos**

Instituto de Entomología UMCE, Universidad de Valparaíso, Secretaría Regional Ministerial de Salud (SEREMI) de Valparaíso y Gobernación provincial Isla de Pascua (OPIPA), Servicio Agrícola y Ganadero (SAG): Oficina Rapa Nui, Sociedad de Infectología Veterinaria y Una Salud (INFECVET).

Financiamiento: El trabajo fue financiado por el Proyecto Anillo ATE 220020 Red Una Salud: Dengue y Arbovirus emergentes de importancia médica DEMIV - One Health

Conflicto de interés: El autor declara que no existen conflictos de interés financieros o personales que puedan sesgar el estudio.

#### **4. CONCLUSIONES**

Describa de forma muy breve el avance en el conocimiento logrado con la tesis. Si la tesis presentó más de un capítulo, utilice esta conclusión para explicar de forma breve y general cómo aportó cada capítulo al cumplimiento del objetivo general (máximo 400 palabras).

El principal avance de esta tesis es que constituye la primera investigación en Chile y Rapa Nui en determinar, mediante el uso de herramientas moleculares (PCR y secuenciación), los patrones de alimentación del mosquito *Aedes aegypti*. En base a esto, se confirma que la población de *Ae. aegypti* en Rapa Nui es marcadamente antropofílica, y como hospedero secundario, el perro (*Canis lupus familiaris*).

Esto establece una conexión directa y eficiente para el ciclo de transmisión urbana de arbovirus (Humano → Mosquito → Humano), confirmando el alto riesgo para la salud pública en la isla de Rapa Nui.