

UNIVERSIDAD INTERNACIONAL SEK

FACULTAD DE INGENIERÍAS Y CIENCIAS APLICADAS

Trabajo de fin de carrera titulado:

**“ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR
INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL”**

Realizado por:

MARÍA SOLEDAD CISNEROS MONTUFAR

Director del proyecto:

Dr. Juan Carlos Navarro Castro, Ph.D.

Como requisito para la obtención del título de:

INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

Quito, 13 de enero de 2021

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

DECLARACIÓN JURAMENTADA

Yo, MARÍA SOLEDAD CISNEROS MONTUFAR, con cédula de identidad # 172406058-5, declaro bajo juramento que el trabajo aquí desarrollado es de mi autoría, que no ha sido previamente presentado para ningún grado o calificación profesional; y, que he consultado las referencias bibliográficas que se incluyen en este documento.

A través de la presente declaración, cedo mis derechos de propiedad intelectual correspondientes a este trabajo, a la UNIVERSIDAD INTERNACIONAL SEK, según lo establecido por la Ley de Propiedad Intelectual, por su reglamento y por la normativa institucional vigente.



FIRMA

172406058-5

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

DECLARATORIA

El presente trabajo de investigación titulado:

**“ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR
INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL”**

Realizado por:

MARÍA SOLEDAD CISNEROS MONTUFAR

como Requisito para la Obtención del Título de:

INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA

ha sido dirigido por el profesor

JUAN CARLOS NAVARRO

quien considera que constituye un trabajo original de su autor.

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'J. Navarro', with a horizontal line underneath.

FIRMA

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

LOS PROFESORES INFORMANTES

Los Profesores Informantes:

JOSÉ RUBÉN RAMIREZ IGLESIAS

JOSÉ GABRIEL SALAZAR LOOR

LINO ARISQUETA HERRANZ

Después de revisar el trabajo presentado,
lo han calificado como apto para su defensa oral ante
el tribunal examinador



FIRMA

FIRMA



FIRMA

Quito, 13 de enero de 2021

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

DEDICATORIA

A mis padres, por su esfuerzo y sacrificio, por su amor y dedicación, por su paciencia,
y por tantas cosas que me han dado, gracias a las cuales tuve la oportunidad de explorar mis
intereses y encontrar mis pasiones.

A mis hermanas, Clari & Vale, a quienes espero poder retribuir y proteger.

A mi abuela Felipita, mi abuela Meche y mi Tío Alex, por su apoyo y cariño
incondicional a pesar de la distancia.

A Sarita, por aguantarme los bajones cada que no salía algo, la motivación y el ánimo
me ayudaron mucho.

A mis abuelas, Carmelita y Teresita, que, aunque no se encuentran presentes en
cuerpo, lo están en espíritu.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

AGRADECIMIENTO

Al Instituto de Investigación en Salud Pública y Zoonosis (CIZ), Sandra Enríquez, Coordinadora de la Unidad de Entomología Aplicada, y Vanessa Herrera por proporcionar especímenes para la estandarización de protocolos y diversos reactivos necesarios.

A mi tutor, Juan Carlos Navarro, y mi profesor José Rubén Ramírez, por su acompañamiento durante la elaboración de este trabajo.

A Adriana Acaro y el personal de limpieza de la UISEK por su paciencia y disposición.

A Romina Webster y Paola Insuaste por su apoyo durante el proceso experimental.

A Alexandra Elbakyan.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Este trabajo de tesis fue realizado bajo el Programa de Investigación:

SALUD GLOBAL

Y con el financiamiento de

Proyecto “Ecoepidemiología de enfermedades emergentes”

A cargo de

Dr. Juan Carlos Navarro

Proyecto de Investigación de la Dirección de Investigación e Innovación

DII-UISEK-P011617_1

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

24/11/2021 10:20:12

Para someter a:

To be submitted:

**Origen filogeográfico de *Aedes albopictus* (Skuse) en Ecuador inferido por ADN
mitocondrial**

Soledad Cisneros^{1,2}, Juan Carlos Navarro^{2*}

¹Universidad Internacional SEK, Facultad de Ingeniería y Ciencias Aplicadas, Quito, Ecuador

²Universidad Internacional SEK, Facultad de Ciencias de la Salud, Quito, Ecuador

Autor de correspondencia:

Juan Carlos Navarro, Universidad Internacional SEK, Facultad de Ciencias de la Salud, Quito,
Ecuador, juancarlos.navarro@uisek.edu.ec

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Resumen

La especie de mosquito *Aedes albopictus* fue reportado por primera vez en Ecuador en 2017. Este insecto representa un importante riesgo a la salud pública debido a su capacidad de mantener sus huevos viables en diapausa hasta encontrar que condiciones ambientales favorables para su crecimiento, así como baja exclusividad en sus preferencias de fuentes de consumo de sangre, lo que causa que esta especie sea un vector clave en la transmisión de diversas enfermedades zoonóticas, algunas bajo constante vigilancia del Ministerio de Salud Pública del Ecuador. En este estudio, se evaluó las relaciones filogeográficas de la población de *A. albopictus* presente en Ecuador utilizando el gen COI. Se realizó la extracción de ADN de 3 muestras con un protocolo *in-house*. Se generó árboles filogenéticos utilizando algoritmos de *Neighbor-Joining*, máxima parsimonia y máxima verosimilitud, así como una red de haplotipos. Se encontró tres haplotipos diferentes circulando en Ecuador. Se determinó que H1 tenía orígenes asiáticos, H2 era un haplotipo propio del territorio, y H3 fue introducido desde Colombia.

Palabras clave:

Aedes albopictus, COI, filogenia, filogeografía, ADN mitocondrial, red de haplotipos

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Abstract

The mosquito species *Aedes albopictus* was first reported in Ecuador during 2017. This insect is an important risk to public health due to its capacity to keep viable eggs in the diapause stage until favorable environmental conditions for development present, as well as its low exclusivity in hosts for blood meals, which makes this species a key vector in the transmission of enzootic diseases, some of which are under constant screening by the public ministry of health of Ecuador. In this study, the phylogeographic relationship of Ecuador's *A. albopictus* was analyzed using the COI gene. DNA was extracted from 3 samples following an in-house procedure. Phylogenetic trees using Neighbor-Joining, Maximum Likelihood and Maximum parsimony algorithms and an haplotype network was generated. Three different haplotypes were found in Ecuador. H1 was found to have Asian origins, H2 was found to be a unique haplotype, and H3 was found to be introduced from Colombia to Ecuador.

Key words:

Aedes albopictus, phylogeny, phylogeography, mitochondrial DNA, haplotype network

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Introducción

La Familia *Culicidae*, mosquitos o zancudos verdaderos, son Dípteros que comprenden alrededor de 3490 especies formalmente reconocidas en el mundo (Harbach, 2007). En Ecuador se registran aproximadamente 242 especies (Navarro, Enríquez, et al., 2015). En los géneros *Aedes*, *Anopheles* y *Culex* se encuentran especies de importancia médico-veterinaria, debido a su papel como transmisores de patógenos o vectores de virus, protozoarios y helmintos, que producen enfermedades como Malaria, Paludismo, Dengue, Fiebre Amarilla y otras arbovirosis (Harbach, 2007; Navarro, Arrivillaga, et al., 2015). En Ecuador las dos más importantes debido a su rol como vectores son *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*.

Aedes albopictus es una especie de insecto originario de Asia del Este e India, junto con las islas del Océano Pacífico y el Océano Índico, que ha colonizado todas las regiones del planeta, a excepción por el continente Antártico. Es una especie con gran capacidad de adaptación a nuevos ecosistemas, por lo que se han vuelto exitosos invasores. Dentro de las características más importantes, se encuentra la capacidad de diapausa periódica de los huevos, que, además, son resistentes a desecación. A través de estas características, son capaces de asegurar el crecimiento en condiciones favorables e influyen positivamente en la dispersión pasiva de los huevos. A pesar de ser originalmente rural, se ha podido adaptar al ecosistema urbano (Bonizzoni et al., 2013; Rey & Lounibos, 2015).

Adicionalmente, *A. albopictus* tiene la capacidad de colonizar territorios fríos, debido a su resistencia a la congelación de sus huevos. La temperatura anual promedio necesaria para el establecimiento de la especie se debe ser mayor a los 16.9 °C. Los especímenes se desarrollan por completo en un rango de temperatura desde 15 hasta 35 °C, siendo 29 °C la temperatura óptima de desarrollo. El intervalo de temperatura para el desarrollo va entre 10.4 hasta 35 °C. Se ha evidenciado que la especie puede adaptarse hasta latitudes de entre 38 a 40° N (Ibañez-Bernal & Gómez Dantes, 1995; Rai, 1991; Reinhold et al., 2018). Análisis sobre distribución

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

especial que utilizan factores como la temperatura mínima y máxima del área, precipitación, y densidad poblacional revelan que, a comparación de *A. aegypti*, *A. albopictus* puede colonizar un territorio más amplio (Ding et al., 2018).

El primer reporte de la presencia de *A. albopictus* en el continente americano se dio en junio de 1983, en Memphis (TN), Estados Unidos. Dentro de los mecanismos para la introducción, se determinó que podría tratarse de transporte marítimo en embarcaciones ligeras, así como transporte en contenedores utilizados para la importación. En 1986, se reportaron grandes poblaciones en Harris County (TX), que se extendieron rápidamente de forma que para 1989 se reportaba poblaciones que se extendían desde Florida hasta Baltimore. La especie continuó su camino al sur hasta llegar a Tamaulipas, México en 1988 (Ibañez-Bernal & Gómez Dantes, 1995; Rai, 1991; Reiter, 1998).

El primer reporte en Brasil fue en 1986, en Minas Gerais, Espírito Santo y Río de Janeiro (WHO Meeting Regional Committee, 1986). En República Dominicana se reportó la llegada de la especie en 1993 (Mesa Despaigne et al., 2013). De acuerdo con comunicaciones personales, la especie se reportó en Bolivia en 1997 (Reiter, 1998). Posteriormente se reportó la presencia de la especie tanto en Colombia como en Argentina en 1998 (Rossi et al., 1999; Vélez et al., 1998). La especie se reportó en Uruguay en 2003 (Rossi & Martínez, 2003) y en Venezuela, en 2009 (Navarro et al., 2009). Se dispone de evidencia de la presencia de la especie en Paraguay desde el 2014, sin embargo, comunicaciones personales indican la presencia desde 1998 (Cuéllar-Jiménez et al., 2007; Torales Ruot, 2017). Poblaciones recurrentes de *A. albopictus* han sido reportadas en Ontario, Canadá, desde el 2016 (Giordano et al., 2020). En Guyana se conoce de su presencia desde antes de 2017, sin embargo, es en ese año donde se da el primer reporte formal (Punu, 2017). En Ecuador, se dio el reporte de la especie en este mismo año.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Hasta el momento no se han reportado especímenes en Perú, Chile, Surinam y Guyana Francesa.

La introducción del espécimen originario de Asia frecuentemente se encuentra ligada a la importación de llantas desde Japón. Este método fue la forma de introducción en Australia, Barbados y Nueva Zelanda (Reiter, 1998). Se ha evidenciado la introducción de esta especie a través de la importación de bambú, en países como Bélgica (Demeulemeester et al., 2014) y los Países Bajos (Hofhuis et al., 2009). Adicionalmente, existen introducciones que aparentan no tener conexión con los dos métodos mencionados anteriormente, tal como es el caso en España (Aranda et al., 2006).

La especie se caracteriza por su alimentación diurna, a través de picaduras para la succión de sangre en el caso las hembras. Tiene un comportamiento oportunista, consumiendo sangre de diferentes vertebrados. Dentro de las fuentes conocidas se encuentran diversas especies de animales domésticos como gatos, perros, conejos, caballos, cerdos, roedores, bovinos, pollos y palomas. La especie tiene una predilección especial a mamíferos, específicamente humanos (Bonizzoni et al., 2013; Pereira-dos-Santos et al., 2020; Pereira dos Santos et al., 2018).

La especie se encuentra asociada a áreas periurbanas, y su predilección por una fuente de alimentación específica aparenta ser específica del lugar. Adicionalmente, se ha encontrado que su reproducción se ve afectada de manera positiva por la presencia de contenedores artificiales propios de este tipo de ambiente (Faraji et al., 2014).

Al evaluar la relación de competencia entre *A. albopictus* y *A. aegypti*, se ha encontrado que las larvas de *A. albopictus* superan a las de *A. aegypti* en crecimiento y sobrevivencia en ambientes limitantes. Adicionalmente, a diferencia de *A. albopictus*, la presencia de hojarasca aumenta el tiempo de desarrollo de las hembras de *A. aegypti*. Así también, a temperaturas

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

mayores y presencia de hojarasca, los machos de *A. albopictus* tienden a ser más grandes (Lounibos et al., 2002).

En el caso de *A. albopictus* y *A. triseriatus*, se estima que ambas especies coexistan en hábitats como cavidades arbóreas, sin embargo, se prevé el desplazamiento de *A. triseriatus* por *A. albopictus* en hábitats artificiales como las llantas, tal y como sucedió con *A. aegypti* (Livdahl & Willey, 1991).

Debido a sus características de alimentación, y potencial de colonización, la presencia de *A. albopictus* representa un riesgo por su relación de vector con diferentes patógenos, especialmente, en casos de emergencia de enfermedades zoonóticas (Pereira-dos-Santos et al., 2020).

La especie es un vector para el nematodo *Dirofilaria immitis*. La circulación del parásito en la región norte de Italia se encuentra ligada a la circulación de especímenes en el área urbana (Cancrini et al., 2003; Masetti et al., 2008).

Es un vector importante en la transmisión de virus como el dengue (DENV), Zika (ZIKV) y Chikungunya (CHIKV). Se ha demostrado que es un vector competente para diversos arbovirus enzooticos descritos en Tabla 1 (Bonizzoni et al., 2013; Gratz, 2004; Pereira-dos-Santos et al., 2020; Pereira dos Santos et al., 2018).

Tabla 1

Evaluación bibliográfica de susceptibilidad de infección a A. albopictus por diversos virus.

Virus	Abreviatura	Método			Referencia
		Aislamiento en población salvaje	Infección por vía oral	Inoculación intratorácica	

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Fiebre amarilla	YFV		X	(Amraoui et al., 2016) (C. J. Mitchell et al., 1987)
				(Grimstad et al., 1989)
La Crosse	LACV	X	X	(Carl J. Mitchell et al., 1998)
				(Gerhardt et al., 2001)
Nilo Occidental	WNV		X	(Sardelis et al., 2002)
				(Michael J. Turell et al., 2001)
Encefalitis Equina del Este	EEEV	X	X	(Fortuna et al., 2015)
				(M. J. Turell et al., 1994)
Encefalitis Japonesa	JEV	X	X	(C. J. Mitchell et al., 1992)
				(Vythilingam et al., 1995)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

					(Weng et al., 1999) (de Wispelaere et al., 2017)
Encefalitis					(Fernández et al., 2003)
Equina	VEEV		X		(Beaman & Turell, 1991)
Venezolana					
Encefalitis					(Savage et al., 1994)
de San Luis	SLEV		X		
					(Carl J. Mitchell et al., 1998) (Ayers et al., 2019)
Virus Valle de Cache	VVC	X	X		
					(Grimstad et al., 1989)
Keystone	KEYV		X		
					(Tesh, 1980b)
Kunjin	KUNV		X		
					(Tesh, 1980b)
San Angelo	SAV		X		
					(Grimstad et al., 1989)
Cañón de Jamestown	JCV		X		
					(Tomori & Aitken, 1978)
Orungo	ORUV		X	X	
					(Calzolari et al., 2010)
Usutu	USUV	X	X		

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

				(Puggioli et al., 2017)
				(Mannasse et al., 2017)
Valle de Rift	RVF		X	(M. Turell et al., 1988)
Karimabad	KARV			X (Tesh, 1975)
Río de Ross	RRV		X	(C. J. Mitchell et al., 1987)
Oropouche	OROV		X	(Smith & Francy, 1991) (de Mendonça et al., 2021)
Kokobera	KOKV		X	(Tesh, 1980b)
Mayaro	MAYV		X	(de Mendonça et al., 2021) (Smith & Francy, 1991)
Ilheus	ILHV		X	(Tesh, 1980b)
Potosi	POTV	X	X	(Carl J. Mitchell et al., 1998) (Francy et al., 1990) (C. J. Mitchell

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

				et al., 1996)
				(Heard et al., 1991)
Itaporanga	ITPV		X	(Tesh, 1975)
Tensaw	TSV	X		(C. J. Mitchell et al., 1992)
Chandipura	CHPV		X	(Ramachandra Rao et al., 1967)
Urucuri (BeAn 100049)	URUV		X	(Tesh, 1975)
Bujaru	BUJV		X	(Tesh, 1975)
Arumowot	AMTV		X	(Tesh, 1975)
Bussuquara	BSQV	X		(Tesh, 1980b)
Chilibre	CHIV		X	(Tesh, 1975)
Getah	GETV	X		(Takashima & Hashimoto, 1985)
Icoaraci	ICOV		X	(Tesh, 1975)
Trivittatus	TVTV	X		(Grimstad et al., 1989)
Nodamura	NOV	X	X	(Tesh, 1980a)
Pacui			X	(Tesh, 1975)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Salehabad SALV

X (Tesh, 1975)

En el transcurso de 2005 y 2006, la epidemia de CHIKV en La Reunión tuvo por vector principal a *A. albopictus* (Wimalasiri-Yapa et al., 2019). Este también fue el caso para las villas italianas Castiglione di Ravenna y Castiglione di Cervia, que sufrieron en 2007 diversos casos de CHIKV (Rezza et al., 2007). Así también, se ha identificado que es un vector principal para la circulación de CHIKV junto con DENV en la República Gabonesa (Leroy et al., 2009).

Durante el año 2020, ocurrió un brote de DENV en la provincia de Vicenza, Italia, que tuvo como vector principal a *A. albopictus* (Lazzarini et al., 2020). Así también, un brote en Hawái durante 2001 tuvo como vector principal a la especie (Effler et al., 2005).

A pesar de que no existe evidencia sobre el rol de transmisión de enfermedades en el continente americano por parte de la especie, en Brasil, se encontraron especímenes de *A. albopictus* infectados naturalmente con virus de fiebre amarilla (YFV) así como DENV (Martins et al., 2012). Adicionalmente, en México se hallaron especímenes infectados con DENV (Ibáñez-Bernal et al., 1997).

Para estudios filogenéticos, es común utilizar genes mitocondriales codantes para proteínas, debido a su mayor velocidad evolutiva, que permite diferenciar familias, géneros y especies. Dentro de estos marcadores moleculares para estudios filogenéticos, se encuentra la región ND5 y COI, utilizada comúnmente para determinar diversidad y variación en la genética poblacional (Mandal et al., 2014).

Los análisis de microsatélites determinan que las poblaciones nativas del Sureste de Asia se agrupan en diferentes clados, teniendo una relación importante con poblaciones invasoras (Kotsakiozi et al., 2017).

De acuerdo con Ruiling, Tongkai, et al. (2018), al analizar la variabilidad con la porción de COI para la población de China se determinó que la variabilidad detectada se debía a factores

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

propios de la población estudiada, sugiriendo baja variabilidad entre las poblaciones de China. Se encontraron 23 haplotipos, todos se agrupaban bajo el mismo clado, siendo 14 derivados del haplotipo H1. La muestra de China aparenta ser ampliamente similar a la muestra de Japón y Tailandia de acuerdo con el estudio de microsatélites (Kotsakiozi et al., 2017).

En la población de Malasia, los análisis de Zawani et al. (2014) y Md. Naim et al. (2020) utilizando el gen *COI* registran bajos niveles de variabilidad de las poblaciones de la isla de Penang. A pesar de hallarse gran cantidad de haplotipos, todos se encuentran íntimamente relacionados entre sí, con tan solo un paso de mutación de distancia. También se determinó que varias poblaciones compartían distintos haplotipos. De acuerdo con Ismail et al. (2017), al utilizar el mismo gen, se encontró que la población de Subang Jaya en Malasia sería el origen para las poblaciones del sur y norte de Asia, que incluyen a Bután, Tailandia, Vietnam, China y Japón.

Los grupos de África se encuentran relacionados con el grupo de Malasia. Se determinó que las poblaciones de Gabon y Congo son distintas (Kotsakiozi et al., 2017). A su vez, el grupo en La Reunión se encuentra relacionado con el grupo Asia del Sur (Sherpa et al., 2018). Para la población de Camerún, se encontró cuatro haplotipos al realizar estudios con el gen *COI* y *ND5*, y se determinó un bajo nivel de diversidad genética, a pesar de que la introducción de la especie se dio desde numerosos sitios, probablemente todos cercanos al trópico (Kamgang et al., 2011).

De acuerdo con (Kotsakiozi et al., 2017), las poblaciones en Europa tienen al menos dos orígenes diferentes. Las poblaciones de Grecia se encuentran relacionadas con las poblaciones de Brasil y Singapur (Kotsakiozi et al., 2017). Sin embargo, las poblaciones de Italia se encuentran relacionadas con las poblaciones estadounidenses, que a su vez, se encuentran relacionadas con las poblaciones asiáticas según análisis por microsatélites y con el gen *ND5* (Kotsakiozi et al., 2017; Usmani-Brown et al., 2009). Las poblaciones francesas se

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

encuentran relacionadas con el sur de Estados Unidos (EEUU) y las islas de Madagascar y La Reunión (Mousson et al., 2005).

En EEUU, se encontró que las poblaciones compartían en la mayoría un mismo haplotipo, sin embargo, también se hallaron haplotipos únicos en baja frecuencia. El haplotipo más frecuente encontrado es el mismo encontrado en poblaciones nativas ancestrales. La población estadounidense tiene como origen Japón (Birungi & Munstermann, 2002; Kotsakiozi et al., 2017).

Las poblaciones de Hawái se caracterizan por ser distintas a las poblaciones japonesas y estadounidenses. En Hawái, se encuentra gran diversidad de haplotipos, incluyendo dos haplotipos únicos, uno compartido con Camerún y otro con EEUU continental. La diferencia de los haplotipos encontrados en Hawái sugiere que la colonización para esta región se dio desde diferentes regiones (Kotsakiozi et al., 2017) (Usmani-Brown et al., 2009).

En México, al utilizar el gen CytB se encontró que alta prevalencia para el haplotipo presente en Brasil, Madagascar y La Reunión. Así también, se encontraron poblaciones con haplotipos asiáticos provenientes de Vietnam y Tailandia. Se determinó la existencia de haplotipos nuevos propios para la región de Nuevo León y Quintana Roo (Pech-May et al., 2016).

Las poblaciones de Sudamérica se encuentran relacionadas con las poblaciones del Sureste de Asia (Kotsakiozi et al., 2017).

Utilizando poblaciones encontradas en Venezuela y Colombia, el análisis del gen ND5 determinó que en estos países se circulan seis haplotipos, dos de los cuales son propios de la región donde se encontraron. En Caracas (Venezuela) se halló el haplotipo H3, presente en Tailandia, Cambodia, Vietnam y Reunión, y el haplotipo H14 originario del lugar. Otro haplotipo originario de la región es el H15, propio de La Buitrera (Colombia), en donde también se encontró el haplotipo H1, que se encuentra presente en distintas regiones de Brasil, como

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Manaus, Represa do Cigano y São Luis. En Buenaventura (Colombia) se encontró el haplotipo H11 que se comparte con Camerún y la República Centroafricana (Navarro et al., 2013).

Al analizar las poblaciones de Brasil utilizando el gen ND5, se encontró una clara distinción entre ellas y poblaciones de otros lugares. Así también se encontró un haplotipo que era el más expandido en toda la región. De acuerdo con análisis para el gen COI, ND5 y CytB la población brasileña tiene un único origen, relacionado con la región del sureste asiático. Esta población tenía un origen diferente a la población de estadounidense (Birungi & Munstermann, 2002; Kotsakiozi et al., 2017; Mousson et al., 2005).

Es de alta importancia el entendimiento del origen filogeográfico pues en diversas poblaciones de *A. albopictus*, se han encontrado genes carboxilesterasa (CCEs) relacionados con la resistencia a los insecticidas, dificultando el uso de estas sustancias para el control de vectores. Estos alelos aparecen en mosquitos en diferentes localidades geográficas que compartan mismo haplotipo (Grigoraki et al., 2017). Adicionalmente, la capacidad para ser un vector competente de ciertos virus también varía de acuerdo al origen filogeográfico de las poblaciones (Vega-Rúa et al., 2020).

En Ecuador, las enfermedades transmitidas por artrópodos, también conocidas como arbovirosis o enfermedades arbovirales, representan una importante amenaza para la población. Dentro de este grupo se encuentran enfermedades tales como el dengue, chikungunya, zika y fiebre amarilla, transmitidas primordialmente por *A. aegypti*. Debido a que la población de vectores está directamente ligada a con la transmisión de estas enfermedades, y dado que otras alternativas preventivas, tales como programas de vacunación, son bastante limitadas, es fundamental el control de las poblaciones de vectores (Ministerio de Salud Pública, 2019).

En concordancia con la importancia epidemiológica expuesta, el monitoreo sobre la presencia de poblaciones de la especie se vuelve fundamental para el control y prevención de enfermedades de importancia epidemiológica en el país. A pesar de que se conoce que en

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Ecuador se encuentran presentes poblaciones de *A. albopictus*, el origen de su introducción no fue analizado. La evaluación de las relaciones filogeográficas de las poblaciones encontradas brindará una herramienta para el entendimiento y posible prospección sobre las relaciones entre este vector y diversos patógenos de interés para el país, por ello, en este estudio se pretende analizar el origen filogeográfico de *Aedes albopictus* en Ecuador a través del análisis.

Materiales y Métodos

Recolección de muestras

Especímenes de *A. albopictus* fueron colectados en la ciudad de Guayaquil, cada mosquito fue catalogado según el sexo y los tejidos utilizados en la extracción de ADN de acuerdo a lo descrito en la Tabla 2.

Tabla 2

Tabla de información para los individuos utilizados.

Código	Sexo	Parte
X1	♂	3 patas
X4	♀	2 patas
X6	♂	2 patas

Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó basándose en el método de Golczer & Arrivillaga (2008). Se sumergió 3 patas del espécimen en 50 µL de buffer de lisis (0.1 M NaCl, 0.2 M sacarosa, 0.1 M Tris, 0.05 M EDTA, 0.5% SDS, pH = 8.55). Las muestras fueron incubadas por 22 horas a temperatura ambiente. Se realizó la trituración mecánica con tijeras esterilizadas seguidas de la homogenización de las patas con un micro-mortero y un pistilo de plástico previamente esterilizado. Cada pistilo se lavó con 50 µL de buffer de lisis. Las muestras fueron

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

incubadas a 65 °C por 10 minutos, tras lo cual se añadió 100 µL más de buffer de lisis. Se incubaron nuevamente a 65 °C por 50 minutos más. Después, se añadió 14 µL de acetato de potasio (8 M) a 4 °C. Las muestras se incubaron a 4 °C por 1 hora. Posteriormente, las muestras fueron centrifugadas a 12225 g por 15 minutos, el sobrenadante se transfirió a tubos limpios. Se añadió 200 µL de etanol (99.8% pureza) a 4 °C y se incubó por 5 min a temperatura ambiente. Después se centrifugó las muestras nuevamente a 12225 g por 15 minutos, y se descartó el sobrenadante. El pellet fue lavado con 100 µL de etanol (70% pureza) a 4 °C. Tras lo cual, se centrifugó las muestras a 12225 g por 5 min, se descartó el sobrenadante y se lavó el pellet con 100 µL de etanol (99.8% pureza) a 4 °C. Se añadió 1 µL de Promega RNase A Solution. Las muestras se centrifugaron a 12225 g por 15 min, y se descartó el sobrenadante. Se escurrió el exceso de etanol con el tubo inclinado sobre membranas estériles por 20 horas. El pellet de DNA se resuspendió en 25 µL de agua de grado molecular. El DNA se guardó a -20 °C hasta su uso.

PCR

Se utilizó el *forward primer* CI-J-1632(5'-TGATCAAATTTATAAT-3'), y *reverse primer* CI-N-2197(5'-GGTAAAATTAAAATATAAACTTC-3') (Kambhampati & Smith, 1995). La mezcla de reacción se realizó con volumen final de 25 µL para la cual se utilizó el kit de abm® Precision™ DNA Polymerase (PCR) (Cat. G078). Para la mezcla de reacción se utilizó 5 µL de 5X PCR buffer, 3 mM de MgSO₄, 0.2 mM de dNTPs, 1 µL de Taq Polimerasa (5 U/µL) y 5 µL de 5X GC Enhancer buffer. Se utilizó 4 µL de templado de ADN junto con 0.4 µM de cada primer.

El perfil de temperatura se basó en el trabajo de Kambhampati & Smith (1995). Se efectuó una desnaturalización inicial a 95 °C durante 2 min, seguido por 35 ciclos de amplificación compuestos por una etapa de desnaturalización a 95 °C durante 1 min, una etapa

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

de hibridación a 37 °C durante 2 min, y una etapa de extensión a 72 °C durante 2 min, seguidos de un paso de extensión final de 72 °C durante 7 min.

Se evaluó el tamaño de los productos de PCR en un gel de agarosa al 1.2% en buffer TAE 1x, revelado con SafeView™ Classic. Se utilizó Invitrogen TrackIt™ 1 Kb Plus DNA Ladder como buffer de carga y marcador molecular respectivamente. Las muestras fueron corridas a 100 V durante 45 minutos, y las bandas fueron visualizadas en un transiluminador UV.

Los amplicones obtenidos fueron secuenciados con secuenciación Sanger de primera generación por la empresa Macrogen.

Análisis filogenético

Para el análisis filogenético se utilizaron secuencias de DNA obtenidas de GenBank de diversos autores detallados en la Tabla 3.

Tabla 3

Código de secuencias de región COI

Región	n	Código	Referencia
Australia	1	KU495082	(Batovska et al., 2016)
		AJ971003, AJ971014	(Mousson et al., 2005)
Brasil	4	KP211400	(Paiva et al., 2014)
		JX456417	(Freitas et al., 2014)
Camboya	1	AJ971006, AJ971019, AJ970993	(Mousson et al., 2005)
China	87	KX981866 - KX981869,	(Guo & Zheng, 2016aa, 2016e,
		KX886284 - KX886301, KX886303 - KX886341,	2016ab, 2016al, 2016f, 2016bd, 2016bc, 2016bb, 2016q, 2016au,

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
		KY378914 - KY378934,	2016z, 2016as, 2016v, 2016af,
		KY378936 - KY378938	2016o, 2016r, 2016p, 2016t,
			2016x, 2016i, 2016b, 2016n,
			2016a, 2016ah, 2016az, 2016aj,
			2016ax, 2016d, 2016av, 2016bg,
			2016aq, 2016m, 2016am,
			2016be, 2016s, 2016h, 2016c,
			2016ao, 2016w, 2016ap, 2016bi,
			2016y, 2016ae, 2016ay, 2016ak,
			2016k, 2016ba, 2016j, 2016u,
			2016aw, 2016ai, 2016ad,
			2016ag, 2016ar, 2016g, 2016l,
			2016an, 2016at, 2016bj, 2016bf,
			2016bh, 2016ac)
			(Ruiling, Peien, et al., 2018)
Colombia	19	KP877563 - KP877575	(Hoyos-Lopez et al., 2015)
		MN997606 - MN997611	(Acosta et al., 2020)
Corea del Sur	38	MG871365 - MG871402	(Lee et al., 2020)
Costa Rica	5	AB907796 - AB907800	(Futami et al., 2015)
Croacia	4	HQ906848 - HQ906851	(Žitko et al., 2011)
		AJ971005	(Mousson et al., 2005)
EEUU	4	MN509207	(Dhupar et al., 2019)
		MK372913 - MK372914	(McKenzie et al., 2019)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
Ecuador	52	MF101840	(Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. MF101840, 2017)
		OK266899 - OK266949	(Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27303 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266942, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27308 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266943, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27418 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266901, 2021;

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27419 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266902, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27420 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266903, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27421 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266904, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27422 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial.</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>Accession No. OK266905, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27423</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266906, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27424</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266907, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27425</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266908, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27426</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266909, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27427</i>
			<i>haplotype H2 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266910, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27309</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266944, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27428</i>
			<i>haplotype H2 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266911, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27429</i>
			<i>haplotype H2 cytochrome c</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266912, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27430 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266913, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27431 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266914, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27432 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266915, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27433</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266916, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27434
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266917, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27435
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266918, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes albopictus</i> voucher ECU27436
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266919, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>albopictus</i> voucher ECU27437
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266920, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i> <i>albopictus</i> voucher ECU27310
			haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266946, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i> <i>albopictus</i> voucher ECU27438
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266921, 2021; Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i> <i>albopictus</i> voucher ECU27439
			haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266922, 2021;

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27440 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266923, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27441 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266924, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27442 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266925, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27444 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial.</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>Accession No. OK266926, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27462</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266927, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27463</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266928, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27464</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i> <i>partial cds; mitochondrial.</i> <i>Accession No. OK266929, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i> <i>albopictus voucher ECU27465</i> <i>haplotype H2 cytochrome c</i> <i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266930, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27311</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266947, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27466</i>
			<i>haplotype H2 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266931, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27467</i>
			<i>haplotype H2 cytochrome c</i>
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene,</i>
			<i>partial cds; mitochondrial.</i>
			<i>Accession No. OK266932, 2021;</i>
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes</i>
			<i>albopictus voucher ECU27468</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266933, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27469 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266934, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27470 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266935, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27471 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266936, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27472</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266937, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27473</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266938, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27474</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266939, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27475</i>
			<i>haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266940, 2021; Nucleotide [Internet]. Aedes</i>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>albopictus</i> voucher ECU27313
			haplotype H1 cytochrome c
			oxidase subunit I (COX1) gene,
			partial cds; mitochondrial.
			Accession No. OK266945, 2021;
			Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i>
			<i>albopictus</i> voucher ECU27476
			haplotype H1 cytochrome c
			oxidase subunit I (COX1) gene,
			partial cds; mitochondrial.
			Accession No. OK266941, 2021;
			Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i>
			<i>albopictus</i> voucher ECU27314
			haplotype H1 cytochrome c
			oxidase subunit I (COX1) gene,
			partial cds; mitochondrial.
			Accession No. OK266948, 2021;
			Nucleotide [Internet]. <i>Aedes</i>
			<i>albopictus</i> voucher ECU27316
			haplotype H1 cytochrome c
			oxidase subunit I (COX1) gene,
			partial cds; mitochondrial.
			Accession No. OK266949, 2021;

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
			<i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27416 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266899, 2021;</i> <i>Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27417 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266900, 2021)</i>
España	8	KU319443 - KU319450	(Brustolin et al., 2015)
Francia	2	AJ971008, AJ971009	(Mousson et al., 2005)
Georgia	4	MG198597 - MG198600	(E. V. Shaikevich et al., 2018)
Hawai	1	AJ971011	(Mousson et al., 2005)
		MK284525	(Panda et al., 2018)
India	3	KC970275	(Shinde & Thete, 2013)
		MK736660	(Barik et al., 2019)
Italia	14	JX679373 - JX679386	(Elena Shaikevich & Talbalaghi, 2013)
Japón	1	AB690835	(Kuwata et al., 2012)
Líbano	1	JX912500	(Haddad et al., 2012)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Región	n	Código	Referencia
Madagascar	70	AJ971007	(Mousson et al., 2005)
		JN406664 - JN406732	(Raharimalala et al., 2012)
Malasia	55	MF148249 - MF148261	(Adilah-Amrannudin et al., 2017)
		MF148263 - MF148276,	
		MF148278 - MF148293,	
		MF148295 - MF148297	
		MF148299 - MF148303	
Marruecos	3	KU522419 - KU522421	(Bennouna et al., 2016)
Panamá	1	AB907801	(Futami et al., 2015)
República Centroafricana	4	KC979137 - KC979143	(Kamgang et al., 2013)
Reunión	12	AJ971012, AJ971013	(Mousson et al., 2005)
		JN406654 - JN406663	(Raharimalala et al., 2012)
Rumanía	3	HF536717, LN808745 -	(Prioteasa et al., 2012, 2015a, 2015b)
		LN808746	
Rusia	7	MG198595 - MG198596,	(E. V. Shaikevich et al., 2018)
		MG198601 - MG198602,	
		MG198604 - MG198606	
Tailandia	1	AJ971015	(Mousson et al., 2005)
Timor Oriental	25	KF042861 - KF042885	(Beebe et al., 2013)
Turquía	3	JQ412504 - JQ412506	(Oter et al., 2013)
Vietnam	2	AJ971010	(Mousson et al., 2005)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Se realizó un alineamiento (n=431) múltiple y por pares con el software MacVector (ver. 18.1.5) en donde la penalidad para la apertura de *gaps* fue de 15, así como la penalidad para extensión de *gaps* fue de 6.66.

Se examinó la divergencia molecular de las secuencias problemas con el software Mega X (Kumar et al., 2018). Así también, se generó un árbol filogenético. por *Neighbour-Joining* (NJ) siguiendo el modelo de Tajima-Nei. Se utilizó el método bootstrap como prueba de filogenia con 500 réplicas. Se generó un árbol de máxima parsimonia (MP) utilizando todos los *gaps*, con el método SPR. Se generó también un árbol de máxima verosimilitud (ML) con el método de Tamura-Nei, utilizando todos los *gaps*, aplicando con el algoritmo heurístico del intercambio del vecino más cercano.

Se utilizó una porción representativa del total de secuencias analizadas (n=113) que contenía las secuencias obtenidas junto con las descritas en la Tabla 4 y con las secuencias KU187005, MT323222, MK985387, MK985386 como grupo externo.

Tabla 4

Código de secuencias utilizadas en la generación de árboles filogenéticos por NJ, MP y ML..

MF101840	OK266949	OK266933	OK266932	OK266931
KP877563	KP877564	KP877565	KP877566	KP877567
KP877568	KP877569	KP877570	KP877571	KP877572
KP877573	KP877574	KP877575	MN997606	MN997607
MN997608	MN997609	MN997610	MN997611	AB907800
AB907799	AB907798	AB907797	AB907796	KP211400
JX456417	AJ971014	AJ971003	JQ412506	JQ412505
JQ412504	KU495082	MG871402	MG871392	MG871391
AB690835	JX912500	AJ971008	AJ971009	AB907801

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

AJ971011	HF536717	LN808745	LN808746	AJ971015
KU522419	KU522420	KU522421	MG198595	MG198601
MG198602	MG198604	MG198606	HQ906848	HQ906849
AJ971013	JN406655	KU319443	KU319444	KU319450
JX679373	JX679374	MG198597	MG198598	MG198599
MG198600	AJ971006	MF148249	MF148255	MF148284
MF148285	MF148291	KF042861	KF042876	KF042877
AJ971007	JN406665	JN406682	JN406691	JN406695
JN406729	MK284525	KC970275	KX886287	KX886288
KX886307	KX886309	KX886318	KX886322	KX886340
KX981866	KX981867	KX981869	KY378917	KY378931
KY378938	MN509207	MK372913	MK372914	AJ971005
AJ971010	KC979143	KC979142	KC979141	KC979140

Se determinó los polimorfismos, la diversidad nucleotídica con el método de Nei (π) y de Jukes-Cantor (JC), haplotipos y diversidad haplotídica de las muestras problema con el software DNAsp (ver. 6.12.03), con el que se removió los sitios no variables, así como no se consideró los sitios con *gaps*. Adicionalmente, se calculó el coeficiente de la prueba de Tajima y los haplotipos de las secuencias utilizadas.

La red de haplotipos y el mapa geográfico para los haplotipos de la matriz global fue generada con el software PopArt con el método TCS.

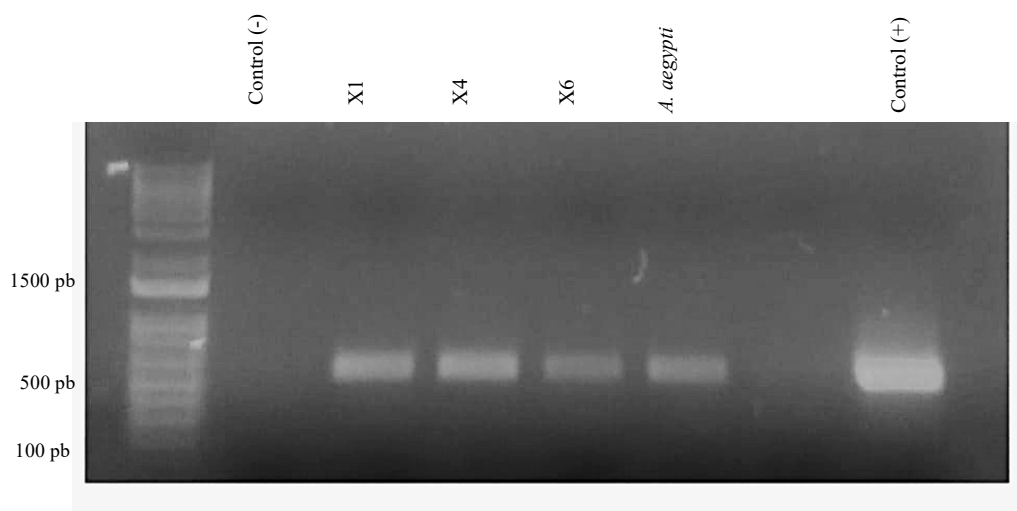
ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Resultados

Se obtuvo productos de PCR de un tamaño aproximado de 550 pb de acuerdo al gel de agarosa en la Figura 1.

Figura 1

Gel de agarosa para amplicones de muestras analizadas, junto con una muestra de A. aegypti utilizada para comprobar una correcta extracción de ADN. El control (+) corresponde con un amplicon de COI obtenido previamente.



Se secuenció el gen *COI* de 3 especímenes de *A. albopictus*. Se obtuvieron distintos fragmentos de 571 pb a 576 pb. Se obtuvo un alineamiento final de 523 pb, en donde se encontraron 5 sitios polimórficos (Figura 2) en las posiciones 45, 50, 54, 439 y 470, de los cuales, ninguno fueron sitios informativos. Entre estos polimorfismos se determinó que el sitio 54 correspondía a un cambio sinónimo, mientras que los otros cuatro sitios correspondían a cambios no sinónimos. Se obtuvo un coeficiente de $\pi=0.00637$ y $JC=0.00641$. Se calculó un contenido total de G+C para las muestras problemas de 0.349.

Figura 2

Sitios polimorficos para gen COI de los especímenes.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

```

      10      20      30      40      50      60
PROB_COIGYE1_R  TATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTATAGTAATACCTATC
PROB_COIGYE4T1_ TATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTATAGTAATACCTATC
PROB_COIGYE6T1_ TATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTATAGTAATACCTATC
*****

      70      80      90     100     110     120
PROB_COIGYE1_R  ATAATTGGAGGATTTGGAAACTGACTAGTACCCTTAATACTAGGAGCCCTGATATAGCT
PROB_COIGYE4T1_ ATAATTGGAGGATTTGGAAACTGACTAGTACCCTTAATACTAGGAGCCCTGATATAGCT
PROB_COIGYE6T1_ ATAATTGGAGGATTTGGAAACTGACTAGTACCCTTAATACTAGGAGCCCTGATATAGCT
*****

     130     140     150     160     170     180
PROB_COIGYE1_R  TTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTGAATATTACCCCTCTTTAACACTGCTGCTT
PROB_COIGYE4T1_ TTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTGAATATTACCCCTCTTTAACACTGCTGCTT
PROB_COIGYE6T1_ TTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTGAATATTACCCCTCTTTAACACTGCTGCTT
*****

     190     200     210     220     230     240
PROB_COIGYE1_R  TCTAGTTCTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGGTGAACGGTTTATCCTCCTCTTTCT
PROB_COIGYE4T1_ TCTAGTTCTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGGTGAACGGTTTATCCTCCTCTTTCT
PROB_COIGYE6T1_ TCTAGTTCTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAACAGGGTGAACGGTTTATCCTCCTCTTTCT
*****

     250     260     270     280     290     300
PROB_COIGYE1_R  TCTGGAACAGCTCATGCTGGGGCTTCAGTTGATTAGCAATTTTTCTTTACATTTAGCG
PROB_COIGYE4T1_ TCTGGAACAGCTCATGCTGGGGCTTCAGTTGATTAGCAATTTTTCTTTACATTTAGCG
PROB_COIGYE6T1_ TCTGGAACAGCTCATGCTGGGGCTTCAGTTGATTAGCAATTTTTCTTTACATTTAGCG
*****

     310     320     330     340     350     360
PROB_COIGYE1_R  GGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAAGTGAATTAATATACGATCA
PROB_COIGYE4T1_ GGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAAGTGAATTAATATACGATCA
PROB_COIGYE6T1_ GGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAAGTGAATTAATATACGATCA
*****

     370     380     390     400     410     420
PROB_COIGYE1_R  GCTGGTATTACTCTTGATCGACTACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTACAGCTATT
PROB_COIGYE4T1_ GCTGGTATTACTCTTGATCGACTACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTACAGCTATT
PROB_COIGYE6T1_ GCTGGTATTACTCTTGATCGACTACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTACAGCTATT
*****

     430     440     450     460     470     480
PROB_COIGYE1_R  TTATTACTTCTTTCTCTACCCGATTAGCCGGAGCTATTACTATATTATTAACAGACCGA
PROB_COIGYE4T1_ TTATTACTTCTTTCTCTATCCGATTAGCCGGAGCTATTACTATATTATTAACAGACCGA
PROB_COIGYE6T1_ TTATTACTTCTTTCTCTACCCGATTAGCCGGAGCTATTACTATATTATTAACAGACCGA
*****

     490     500     510     520
PROB_COIGYE1_R  AATTTAAATACATCTTTTTTTGATCCAATTGGAGGGGGAGACC
PROB_COIGYE4T1_ AATTTAAATACATCTTTTTTTGATCCAATTGGAGGGGGAGACC
PROB_COIGYE6T1_ AATTTAAATACATCTTTTTTTGATCCAATTGGAGGGGGAGACC
*****

```

Se encontró que los individuos pertenecían a 2 haplotipos, con una diversidad de 0.667.

Los haplotipos de cada individuo junto con la distancia entre pares entre las secuencias se encuentran descritos en la Tabla 5.

Tabla 5.

Haplotipos para las muestras analizadas junto con índice de distancia calculado entre muestras.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Individuo	Haplotipo	Distancia con X1	Distancia con X4
COIGYE1	H1	-	-
COIGYE4	H2	0.00964151	-
COIGYE6	H1	0.00	0.0096415183

Para la matriz completa, que incluye a aquellas secuencias obtenidas por otros autores, se encontraron 135 sitios variables, de los cuales 95 representaban sitios informativos. Se calculó un total de 85 haplotipos, con una diversidad de 0.813. Se determinó que $\pi = 0.01705$ y $JC = 0.01855$. Se obtuvo un valor de -2.25911 para la prueba de Tajima.

Los árboles generados por los diferentes algoritmos se observan en la

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Figura 3,

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Figura 4 y

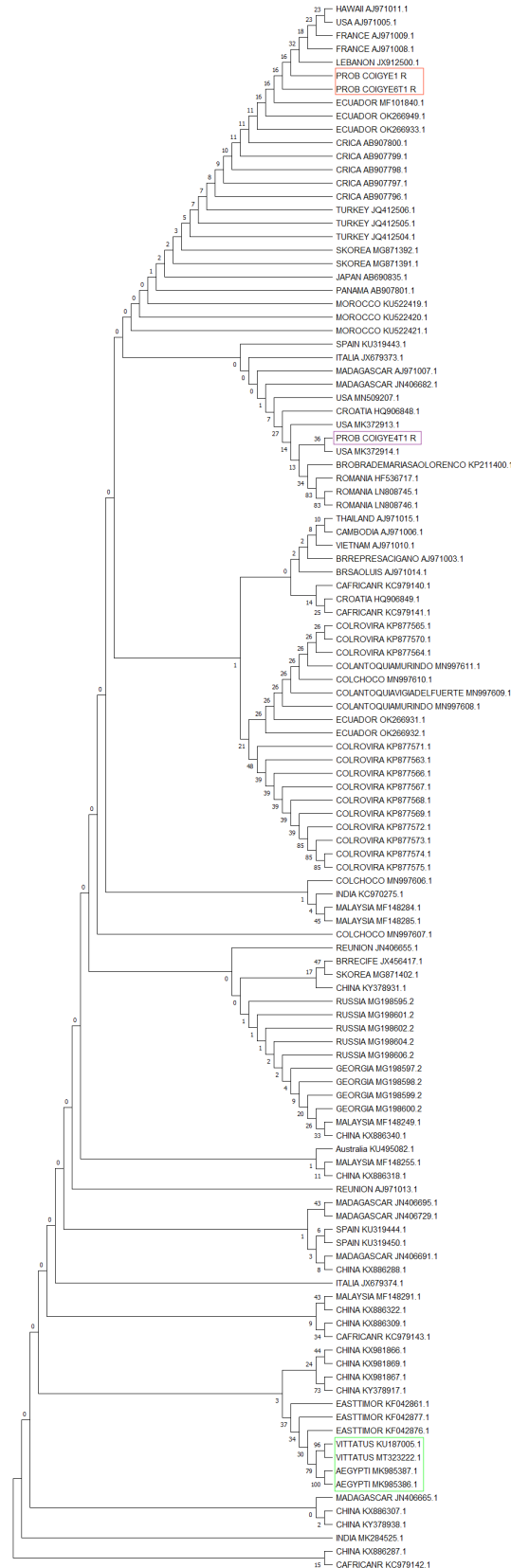
Figura 5.



ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Figura 3

Arbol filogenético generado por NJ integrando secuencias obtenidas de GenBank.



ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Figura 4

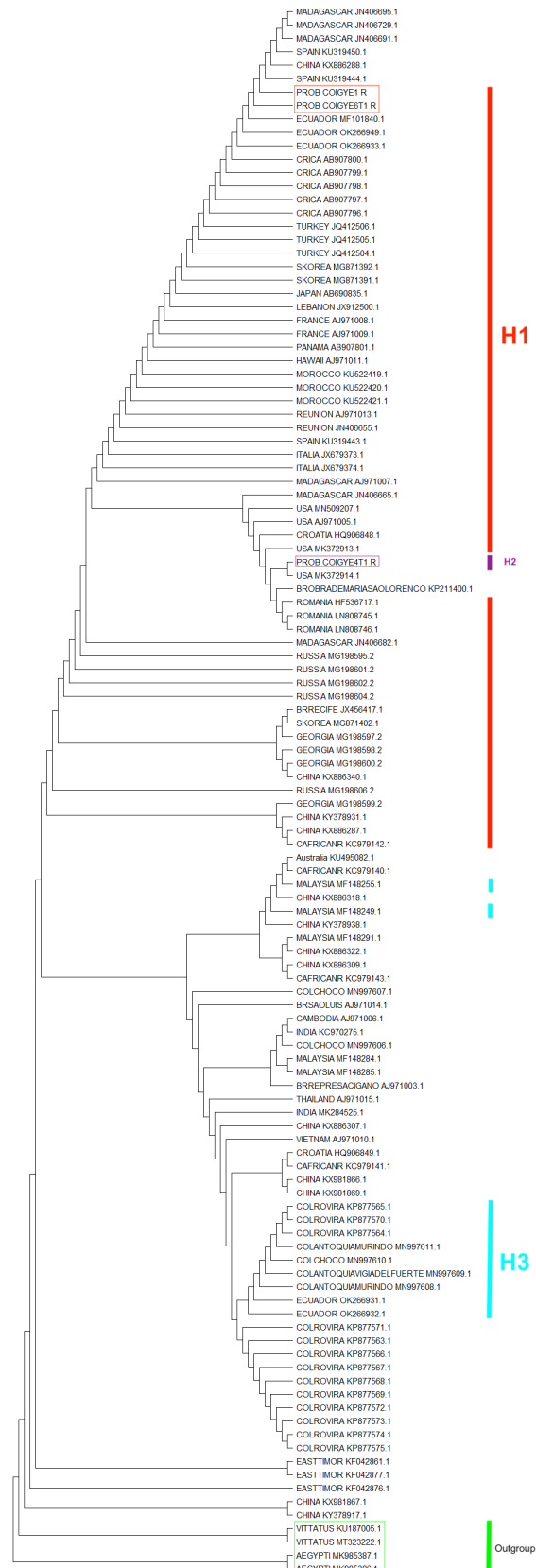
Árbol filogenético generado por MP integrando secuencias obtenidas de GenBank.



ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Figura 5

Árbol filogenético generado por ML integrando secuencias obtenidas de GenBank.



ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

La red de haplotipos generada se observa en la

Figura 6, mientras que en la

Figura 7 se puede observar el mapa de Ecuador, Colombia, Costa Rica y Panamá con los diferentes haplotipos encontrados en la región.

Figura 6

Red de haplotipos generada a partir de la matriz completa. El diametro de cada vértice es proporcional a la cantidad de secuencias que corresponden al haplotipo.

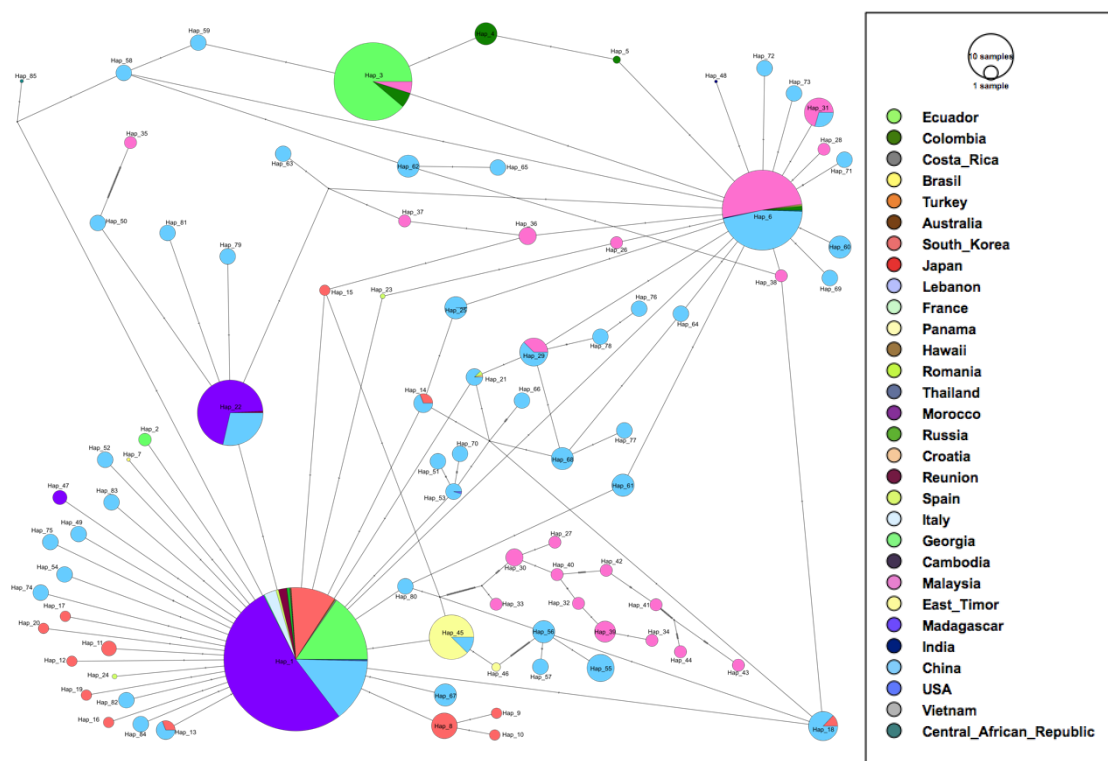


Figura 7

Mapa geográfico de la región nortoste de América del Sur con haplotipos presentes.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL



Discusión

De acuerdo al análisis de los distintos árboles filogenéticos, la secuencia COIGYE1 y COIGYE6 se encuentran relacionadas de manera muy cercana con las secuencias de Ecuador, obtenidas de GenBank, mientras que a secuencia COIGYE4 se encuentra relacionada diferentes secuencias de EEUU, las cuales se encuentran a una distancia de 600 km entre sí. Debido a la cercanía geográfica de los puntos que figuran como secuencias más cercanas, es posible que la divergencia en lo observado en las figuras sea despreciable para esta secuencia.

Dentro del análisis para los haplotipos se encontró que las muestras problema pertenecían a dos diferentes haplotipos. Al contrastar estos haplotipos con las muestras de Ecuador disponibles en GenBank se determinó que en el territorio ecuatoriano circulan tres diferentes haplotipos: H1, H2 y H3. El haplotipo H1 se encuentra presente en poblaciones en la provincia de Guayas, en la ciudad de Guayaquil, y en la provincia de Orellana, en la ciudad de Puerto Francisco de Orellana.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

El haplotipo H1, es el haplotipo más abundante a nivel mundial, conformado por secuencias de países asiáticos como Corea del Sur y China, o países cuya población posea orígenes asiáticos como Madagascar, Italia y EEUU. Esto también es evidenciado en los diferentes árboles generados donde se genero un clado con la mayoría de las secuencias pertenecientes a este haplotipo. Las secuencias ecuatorianas que conforman el haplotipo H1 revelan una relación cercana con individuos de China y Madagascar, a pesar de que no comparten el mismo haplotipo. Esto podría indicar que el haplotipo H1 posee un origen asiático.

La presencia del haplotipo H1 en la ciudad de Guayaquil, podría estar relacionada a la presencia de un importante puerto marítimo en la misma, que recibe constantemente importaciones y turistas desde diversos puntos del mundo. Durante 2016-2019, el arribo de embarcaciones tenía como origen principal Liberia, Barbados y otras islas caribeñas (Ministerio de Transporte y Obras Públicas, 2017, 2018, 2019, 2020), locaciones de los cuales no se dispone secuencias. Las secuencias disponibles no son lo suficientemente cercanas o con intercambios importantes para determinar un posible intercambio por vía marítima directa.

Dentro del transporte marítimo es importante el análisis del rol que cumple el canal de Panamá en el comercio. En este país se presenta el haplotipo H1, sin embargo, el árbol generado por ML indicaría que la secuencia de Panamá no se encuentra relacionada de manera cercana con las secuencias ecuatorianas y el ancestro inmediato de la población perteneciente a este haplotipo se encuentra en España. No hay evidencia que indique que la introducción al país se haya dado debido a la relación comercial con Panamá y sea necesario profundizar en la cantidad de barcos que llegan al país y hayan atravesado dicho espacio.

La ciudad de Guayaquil y Puerto Francisco de Orellana comparten el mismo haplotipo H1, es posible que la introducción de la especie se haya debido a la movilidad humana y comercio interno del país, así como también puede que se haya dado múltiples eventos de introducción del mismo haplotipo.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

De acuerdo con el análisis de los árboles filogenéticos, la relación de la ancestralidad entre la población de Guayaquil y la de Puerto Francisco de Orellana indica que la población originaria estaría en Guayaquil, de la cual se deriva la población presente en Puerto Francisco de Orellana. Adicionalmente, la secuencia ecuatoriana más antigua reportada, que fue recolectada en Guayaquil, es el ancestro directo de la secuencia correspondiente con la población de Puerto Francisco de Orellana.

El haplotipo H2 se deriva directamente de H1. De acuerdo con el árbol generado por ML, la secuencia que conforma este haplotipo único se posee un ancestro común con secuencias pertenecientes de EEUU, una de las cuales forma parte del haplotipo H1, corroborando su cercanía. Considerando la relación determinada en los diferentes árboles generados, existe la posibilidad de que el haplotipo H2 tenga un origen en EEUU, así como también es posible que la mutación sea propia del territorio ecuatoriano.

El haplotipo H3, se ve compartido entre secuencias de Ecuador, Colombia y Malasia, con una importante diferencia de 4 pasos evolutivos hasta H1. De acuerdo con el árbol generado por ML, las secuencias de Colombia y Ecuador se encuentran relacionadas entre sí, sin embargo, aquellas pertenecientes a Malasia no poseen una relación cercana, siendo estas más próximas a otras secuencias asiáticas. La presencia de este haplotipo en Malasia podría ser consecuencia de la alta tasa de mutaciones reportadas para esta poblaciones (Naim et al., 2020), dando que eventos de mutación independientes produjeran un mismo haplotipo.

Debido a la cercanía geográfica con Colombia, y los puntos en los que se reporta el haplotipo H3 cercanos a la parroquia Lita, en la provincia de Imbabura, es posible que este haya sido introducido por actividades comerciales y movilidad humana. El ingreso de carga desde Colombia al territorio nacional representa el principal intercambio de mercadería a través de carreteras para Ecuador (Tabla 6).

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Tabla 6

Ingreso de carga desde Colombia por carretera.

Año	Ingreso (ton)	Valor del total (%)	Referencia
2016	369 418	56.0	(Comunidad Andina, 2018)
2017	531 400	60.2	(Comunidad Andina, 2018)
2018	523 273	54.2	(Comunidad Andina, 2019)
2019	469 654	51.7	(Comunidad Andina, 2020)

Dentro del análisis del árbol filogenético por NJ se encontró que las poblaciones de *A. vittatus* y *A. aegypti* utilizadas como grupo externo no se han separado por todo del árbol, mientras que, en el análisis por MP y ML las poblaciones de *A. aegypti* tienen una divergencia lo suficientemente alta como para separar a las poblaciones, a pesar de que *A. vittatus* sigue relacionándose con poblaciones de *A. albopictus* de China. Es posible que esto se deba a que el marcador *COI* para las especies de *A. vittatus* no proporcione suficiente información para estudios de carácter filogenético y la distinción entre esta especie y *A. albopictus*, tal como fue reportado para *A. cogilli* por Díez-Fernández et al. (2018).

Es importante notar que tal como indicó Mousson et al. (2005), el gen *COI* no es el más óptimo para los análisis genéticos con de *A. albopictus* debido a su baja variabilidad, y a pesar de que el gen *ND5* y *CytB* podría aumentar la información sobre el origen de la introducción de las poblaciones de *A. albopictus* en Ecuador, por lo que es posible que exista más eventos

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

de introducción que los reportados con el análisis del gen COI, o que a su vez, sean rastreables con mayor precisión a su origen. El haplotipo H1 fue el más abundante a nivel mundial, sin embargo, debido a la baja variabilidad de el gen COI para esta especie, es necesario la validación con futuros estudios que evalúen la diversidad genética de las poblaciones de las distintas regiones estudiadas.

El resultado de la prueba de Tajima determina que la población se encuentra en expansión, por lo que es posible que la divergencia encontrada con otros genes aporte mayor información sobre eventos de introducción.

Conclusiones

El análisis molecular de los individuos determinó la presencia de dos haplotipos diferenciables. Al contrastar con aquellas muestras obtenidas de GenBank se encontró que en el territorio nacional circulan tres poblaciones de *Aedes albopictus*.

Los resultados indican que las poblaciones que conforman al haplotipo H1 y H3 se formaron debido a eventos de introducción independientes.

El haplotipo H1 se encuentra en dos ciudades ecuatorianas, Guayaquil y Puerto Francisco de Orellana. Este haplotipo tiene orígenes asiáticos y se encuentra esparcido a gran escala a través del mundo. La relación de ancestralidad indica que la población de Guayaquil fue el origen para la población de Puerto Francisco de Orellana.

El haplotipo H3 se encuentra localizado en la parroquia Lita, y su introducción seguramente se dio por transporte terrestre desde Colombia, debido a las relaciones de ancestralidad, así como cercanía geográfica.

El haplotipo H2 es exclusivo del país, revelado por primera vez por uno de los individuos analizados durante este estudio. Este haplotipo se encuentra relacionado con el haplotipo H1 y es altamente probable que se haya formado debido a una mutación ocurrida en la población de H1.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO POR ADN MITOCONDRIAL

Se necesita contrastar los resultados obtenidos con diferentes genes que garanticen mayor información evolutiva debido y puedan determinar mejor las relaciones filogenéticas para describir eventos de introducción con mayor exactitud.

Referencias Citadas

- Acosta, O., Hankeln, T., Nitsche, A., Velez, I. D., & Schiemann, D. J. (2020). *PopSet [Internet]. Culicidae cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. 1841193100*. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MN997606>
- Adilah-Amrannudin, N., Hamsidi, M., Ismail, N.-A., Ismail, R., Che Dom, N., Ahmad, A. H., Mastuki, M. F., Tengku Ahmad Basri, T. S. A., & Camalxaman, S. N. (2017). *PopSet [Internet]. Aedes albopictus cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. 1318707570*. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/popset?DbFrom=nucore&Cmd=Link&LinkName=nucore_popset&IdsFromResult=1318707570
- Amraoui, F., Vazeille, M., & Failloux, A. B. (2016). French *Aedes albopictus* are able to transmit yellow fever virus. *Eurosurveillance*, 21(39), 30361. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2016.21.39.30361>
- Aranda, C., Eritja, R., & Roiz, D. (2006). First record and establishment of the mosquito *Aedes albopictus* in Spain. *Medical and Veterinary Entomology*, 20(1), 150–152. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2006.00605.x>
- Ayers, V. B., Huang, Y. J. S., Lyons, A. C., Park, S. L., Dunlop, J. I., Unlu, I., Kohl, A., Higgs, S., Blitvich, B. J., & Vanlandingham, D. L. (2019). Infection and transmission of Cache Valley virus by *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* mosquitoes. *Parasites and Vectors*, 12(1), 384. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3643-0>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Barik, T. K., Panda, D., & Swain, S. . (2019). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate ALP 1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. MK736660. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MK736660>*
- Batovska, J., Blacket, M. J., Brown, K., & Lynch, S. E. (2016). Molecular identification of mosquitoes (Diptera: Culicidae) in southeastern Australia. *Ecology and Evolution*, 6(9), 3001–3011. <https://doi.org/10.1002/ece3.2095>
- Beaman, J. R., & Turell, M. J. (1991). Transmission of Venezuelan equine encephalomyelitis virus by strains of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) collected in North and South America. *Journal of Medical Entomology*, 28(1), 161–164. <https://doi.org/10.1093/jmedent/28.1.161>
- Beebe, N. W., Ambrose, L., Hill, L. A., Davis, J. B., Hapgood, G., Cooper, R. D., Russell, R. C., Ritchie, S. A., Reimer, L. J., Lobo, N. F., Syafruddin, D., & van den Hurk, A. F. (2013). Tracing the Tiger: Population Genetics Provides Valuable Insights into the *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* Invasion of the Australasian Region. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002361>
- Bennouna, A., Balenghien, T., El Rhaffouli, H., Schaffner, F., Garros, C., Gardes, L., Lhor, Y., Hammoumi, S., Chlyeh, G., & Fassi Fihri, O. (2016). *PopSet [Internet]. Aedes albopictus cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. 974144287. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/popset?DbFrom=nucore&Cmd=Link&LinkName=nucore_popset&IdsFromResult=974144287*
- Birungi, J., & Munstermann, L. E. (2002). Genetic Structure of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) Populations Based on Mitochondrial Nd5 Sequences: Evidence for an Independent Invasion into Brazil and United States. *Annals of the Entomological Society*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

of America, 95(1), 125–132. [https://doi.org/10.1603/0013-8746\(2002\)095\[0125:GSOAAD\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1603/0013-8746(2002)095[0125:GSOAAD]2.0.CO;2)

Bonizzoni, M., Gasperi, G., Chen, X., & James, A. A. (2013). The invasive mosquito species *Aedes albopictus*: Current knowledge and future perspectives. In *Trends in Parasitology* (Vol. 29, Issue 9, pp. 460–468). Elsevier Current Trends. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2013.07.003>

Brustolin, M., Soler-Membrives, A., Aranda, C., Marques, E., Torrell, A., & Pages, N. (2015). *PopSet [Nucleotide] Aedes albopictus cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. 1097319454*. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/popset?DbFrom=nucore&Cmd=Link&LinkName=nucore_popset&IdsFromResult=1097319454

Calzolari, M., Bonilauri, P., Bellini, R., Albieri, A., Defilippo, F., Maioli, G., Galletti, G., Gelati, A., Barbieri, I., Tamba, M., Lelli, D., Carra, E., Cordioli, P., Angelini, P., & Dottori, M. (2010). Evidence of simultaneous circulation of west Nile and Usutu viruses in mosquitoes sampled in Emilia-Romagna region (Italy) in 2009. *PLoS ONE*, 5(12), e14324. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0014324>

Cancrini, G., Frangipane Di Regalbono, A., Ricci, I., Tessarin, C., Gabrielli, S., & Pietrobelli, M. (2003). *Aedes albopictus* is a natural vector of *Dirofilaria immitis* in Italy. *Veterinary Parasitology*, 118(3–4), 195–202. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2003.10.011>

Comunidad Andina. (2018). *Tráfico de carga internacional por carretera de Ecuador con países de la Comunidad Andina, 2017*.

Comunidad Andina. (2019). *Movimiento de carga internacional por carretera de Ecuador con países de la Comunidad Andina, 2018*.

Comunidad Andina. (2020). *Movimiento de carga internacional por carretera de Ecuador con*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

países de la Comunidad Andina, 2019.

- Cuéllar-Jiménez, M. E., Velásquez-Escobar, O. L., González-Obando, R., & Morales-Reichmann, C. A. (2007). Detección de *Aedes albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) en la ciudad de Cali, Valle del Cauca, Colombia. *Biomedica*, 27(2), 273–279. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v27i2.224>
- de Mendonça, S. F., Rocha, M. N., Ferreira, F. V., Leite, T. H. J. F., Amadou, S. C. G., Sucupira, P. H. F., Marques, J. T., Ferreira, A. G. A., & Moreira, L. A. (2021). Evaluation of *aedes aegypti*, *aedes albopictus*, and *culex quinquefasciatus* mosquitoes competence to oropouche virus infection. *Viruses*, 13(5), 755. <https://doi.org/10.3390/v13050755>
- de Wispelaere, M., Desprès, P., & Choumet, V. (2017). European *Aedes albopictus* and *Culex pipiens* Are Competent Vectors for Japanese Encephalitis Virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(1), e0005294. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005294>
- Demeulemeester, J., Deblauwe, I., De Witte, J., Jansen, F., Hendy, A., & Madder, M. (2014). First interception of *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* in Lucky bamboo shipments in Belgium. *JOURNAL OF THE EUROPEAN MOSQUITO CONTROL ASSOCIATION 14* *Journal of the European Mosquito Control Association*, 32, 14–16. <https://doi.org/10.1186/1475-2875-6-6>
- Dhupar, K., Petracca, J., Ghiban, C., Pepenella, S., Marco, C., Nash, B., & Micklos, D. (2019). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate DNAS-428-5ZBG cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. MN509207. National Center for Biotechnology Information (US).* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MN509207>
- Díez-Fernández, A., Martínez-de la Puente, J., Ruiz, S., Gutiérrez-López, R., Soriguer, R., & Figuerola, J. (2018). *Aedes vittatus* in Spain: current distribution, barcoding characterization and potential role as a vector of human diseases. *Parasites & Vectors*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

2018 11:1, 11(1), 1–6. <https://doi.org/10.1186/S13071-018-2879-4>

- Ding, F., Fu, J., Jiang, D., Hao, M., & Lin, G. (2018). Mapping the spatial distribution of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Acta Tropica*, 178, 155–162. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.11.020>
- Effler, P. V, Pang, L., Kitsutani, P., Vorndam, V., Nakata, M., Ayers, T., Elm, J., Tom, T., Reiter, P., Rigau-Perez, J. G., Hayes, J. M., Mills, K., Napier, M., Clark, G. G., Gubler, D. J., & Team, H. D. O. I. (2005). Dengue fever, Hawaii, 2001-2002. *Emerging Infectious Diseases*, 11(5), 742–749. <https://doi.org/10.3201/eid1105.041063>
- Faraji, A., Egizi, A., Fonseca, D. M., Unlu, I., Crepeau, T., Healy, S. P., & Gaugler, R. (2014). Comparative Host Feeding Patterns of the Asian Tiger Mosquito, *Aedes albopictus*, in Urban and Suburban Northeastern USA and Implications for Disease Transmission. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 8(8), e3037. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003037>
- Fernández, Z., Moncayo, A. C., Carrara, A. S., Forattini, O. P., & Weaver, S. C. (2003). Vector competence of rural and urban strains of *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Diptera: Culicidae) from São Paulo State, Brazil for IC, ID, and IF subtypes of Venezuelan equine encephalitis virus. *Journal of Medical Entomology*, 40(4), 522–527. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.4.522>
- Fortuna, C., Remoli, M. E., Severini, F., Di Luca, M., Toma, L., Fois, F., Bucci, P., Boccolini, D., Romi, R., & Ciufolini, M. G. (2015). Evaluation of vector competence for West Nile virus in Italian *Stegomyia albopicta* (= *Aedes albopictus*) mosquitoes. *Medical and Veterinary Entomology*, 29(4), 430–433. <https://doi.org/10.1111/mve.12133>
- Francy, D. B., Karabatsos, N., Wesson, D. M., Moore, C. G., Lazuick, J. S., Niebylski, M. L., Tsai, T. F., & Craig, G. B. (1990). A new arbovirus from *Aedes albopictus*, an Asian mosquito established in the United States. *Science*, 250(4988), 1738–1740. <https://doi.org/10.1126/science.2270489>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Freitas, M., Gomes-Júnior, P., Batista, M., Leal-Balbino, T., Araujo, A., & Balbino, V. (2014).

Novel DNA extraction assay for molecular identification of *Aedes* spp eggs. *Genetics and Molecular Research : GMR*, 13(4), 8776–8782.

<https://doi.org/10.4238/2014.OCTOBER.27.19>

Futami, K., Valderrama, A., Baldi, M., Minakawa, N., Rodríguez, R. M., & Chaves, L. F.

(2015). New and common haplotypes shape genetic diversity in asian tiger mosquito populations from Costa Rica and Panamá. *Journal of Economic Entomology*, 108(2), 761–768. <https://doi.org/10.1093/jee/tou028>

Gerhardt, R. R., Gottfried, K. L., Apperson, C. S., Davis, B. S., Erwin, P. C., Smith, A. B.,

Panella, N. A., Powell, E. E., & Nasci, R. S. (2001). First isolation of La Crosse virus from naturally infected *Aedes albopictus*. *Emerging Infectious Diseases*, 7(5), 807–811. <https://doi.org/10.3201/eid0705.017506>

Giordano, B., Gasparotto, A., Liang, P., Nelder, M., Russell, C., & Hunter, F. (2020). Discovery

of an *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* population and first records of *Aedes* (*Stegomyia*) *aegypti* in Canada. *Medical and Veterinary Entomology*, 34(1), 10–16. <https://doi.org/10.1111/MVE.12408>

Golczer, G., & Arrivillaga, J. (2008). Modificación de un protocolo estándar de extracción de

ADN para flebotominos pequeños (Phlebotominae: Lutzomyia). *Revista Colombiana de Entomología*, 34, 199–202.

Gratz, N. G. (2004). Critical review of the vector status of *Aedes albopictus*. *Medical and*

Veterinary Entomology, 18(3), 215–227. <https://doi.org/10.1111/j.0269-283X.2004.00513.x>

Grigoraki, L., Pipini, D., Labbé, P., Chaskopoulou, A., Weill, M., & Vontas, J. (2017).

Carboxylesterase gene amplifications associated with insecticide resistance in *Aedes albopictus*: Geographical distribution and evolutionary origin. *PLoS Neglected Tropical*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Diseases, 11(4), e0005533. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005533>

Grimstad, P. R., Kobayashi, J. F., Zhang, M. B., & Craig, G. B. (1989). Recently introduced *Aedes albopictus* in the United States: potential vector of La Crosse virus (Bunyaviridae: California serogroup). *Journal of the American Mosquito Control Association*, 5(3), 422–427. <https://europepmc.org/article/med/2584976>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016a). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate fjgt1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886284. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886284*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016b). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate fjgt1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886284. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886284.1*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016c). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate fjgt2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886285. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886285.1*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016d). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate fjgt3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886286. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886286.1*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016e). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gddg2-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886287. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886287.1*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Guo, Y., & Zheng, X. (2016f). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gddg2-4 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886288. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886288.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016g). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz3-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886289. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886289.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016h). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz4-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886290. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886290.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016i). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz4-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886291. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886291.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016j). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz5-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886292. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886292.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016k). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz5-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886293. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886293.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016l). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdgz8*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886294. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886294.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016m). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdst2-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886295. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886295.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016n). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdst3-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886296. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886296.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016o). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdst3-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886297. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886297.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016p). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gdsz6-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886298. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886298.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016q). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gxwz1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886299. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886299.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016r). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gxwz3-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No.*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- KX886300. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886300.1>
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016s). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gxwz4 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886301. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886301.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016t). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate gxwz6 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886303. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886303.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016u). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbs1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886304. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886304.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016v). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbs2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886305. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886305.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016w). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbs4 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886306. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886306.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016x). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbs6 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886307. National Center for Biotechnology Information (US).*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886307.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016y). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886308. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886308.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016z). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt10 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX981867. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX981867>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016aa). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt2-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886309. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886309.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ab). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt2-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886310. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886310.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ac). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt3-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886311. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886311.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ad). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt6 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886312. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886312.1>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ae). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt8 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886313. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886313.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016af). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncj2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886314. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886314.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ag). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncj3-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886315. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886315.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ah). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncj6 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886316. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886316.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ai). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncj7 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX981868. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX981868>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016aj). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncj8 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX981869. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX981869>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ak). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncm3*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886317. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886317.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016al). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncm4 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886318. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886318.1>*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016am). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncm6-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886319. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886319.1>*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016an). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hncm7 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886320. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886320.1>*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ao). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hndz6-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886321. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886321.1>*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ap). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hndz6-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886322. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KX886322.1>*

Guo, Y., & Zheng, X. (2016aq). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnhk4-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No.*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- KX886323. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886323.1>
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016ar). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnhk5 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886324. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886324.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016as). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate Hnkf4 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886325. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886325.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016at). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate Hnkf7 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886326. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886326.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016au). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnld cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886327. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886327.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016av). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnls4-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886328. National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886328.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016aw). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnls4-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886329. National Center for Biotechnology Information (US).*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886329.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ax). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnls4-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886330. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886330.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ay). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnls5-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886331. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886331.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016az). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnqh2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886332. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886332.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016ba). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnqz2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886333. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886333.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016bb). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnqz5 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886334. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886334.1>

Guo, Y., & Zheng, X. (2016bc). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate ynjh1-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886335. National Center for Biotechnology Information (US).*
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886335.1>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bd). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate ynjh5 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886336. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886336.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016be). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate ynjh6 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886337. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886337.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bf). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate ynjh8 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886338. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886338.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bg). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate zjjh1-1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886339. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886339.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bh). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate zjjh1-2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886340. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886340.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bi). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate zjjh1-3 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene partial cds; mitochondrial. Accession No. KX886341. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX886341.1>*
- Guo, Y., & Zheng, X. (2016bj). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate hnbt9*

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KX981866. National Center for Biotechnology Information (US). [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX981866.1?report=genbank&log\\$=seqview](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX981866.1?report=genbank&log$=seqview)*
- Haddad, N., Mousson, L., Vazeille, M., Chamat, S., Tayeh, J., Osta, M. A., & Failloux, A. B. (2012). *Aedes albopictus* in Lebanon, a potential risk of arboviruses outbreak. *BMC Infectious Diseases*, 12. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-12-300>
- Harbach, R. E. (2007). The Culicidae (Diptera): A review of taxonomy, classification and phylogeny. In *Zootaxa* (Vol. 1668, Issue 1, pp. 591–638). Magnolia Press. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.1668.1.28>
- Heard, P. B., Niebylski, M. L., Francy, D. B., & Craig, G. B. (1991). Transmission of a newly recognized virus (Bunyaviridae, Bunyavirus) isolated from *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Potosi, Missouri. *Journal of Medical Entomology*, 28(5), 601–605. <https://doi.org/10.1093/jmedent/28.5.601>
- Hofhuis, A., Reimerink, J., Reusken, C., Scholte, E. J., Boer, A. De, Takken, W., & Koopmans, M. (2009). The hidden passenger of lucky bamboo: Do imported *aedes albopictus* mosquitoes cause dengue virus transmission in the Netherlands. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 9(2), 217–220. <https://doi.org/10.1089/vbz.2008.0071>
- Hoyos-Lopez, R. O., Castano, J., & Zamora, J. (2015). *PopSet [Internet]. Aedes albopictus cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. 794508818. National Center for Biotechnology Information (US). https://www.ncbi.nlm.nih.gov/popset?DbFrom=nuccore&Cmd=Link&LinkName=nuccore_popset&IdsFromResult=794508818*
- Ibáñez-Bernal, S., Briseño, B., Mutebi, J. P., Argot, E., Rodríguez, G., Martínez-Campos, C., Paz, R., De La Fuente-San Román, P., Tapia-Conyer, R., & Flisser, A. (1997). First record in America of *Aedes albopictus* naturally infected with dengue virus during the 1995

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- outbreak at Reynosa, Mexico. *Medical and Veterinary Entomology*, 11(4), 305–309.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1997.tb00413.x>
- Ibañez-Bernal, S., & Gómez Dantes, H. (1995). Los vectores del dengue en México: una revisión crítica. *Salud Pública de México*, 37(0 SE-).
<https://www.saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/4564>
- Ismail, N. A., Adilah-Amrannudin, N., Hamsidi, M., Ismail, R., Dom, N. C., Ahmad, A. H., Mastuki, M. F., & Camalxaman, S. N. (2017). The Genetic Diversity, Haplotype Analysis, and Phylogenetic Relationship of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) Based on the Cytochrome Oxidase 1 Marker: A Malaysian Scenario. *Journal of Medical Entomology*, 54(6), 1573–1581. <https://doi.org/10.1093/jme/tjx126>
- Kambhampati, S., & Smith, P. T. (1995). PCR primers for the amplification of four insect mitochondrial gene fragments. *Insect Molecular Biology*, 4(4), 233–236.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-2583.1995.tb00028.x>
- Kamgang, B., Brengues, C., Fontenille, D., Njiokou, F., Simard, F., & Paupy, C. (2011). Genetic Structure of the Tiger Mosquito, *Aedes albopictus*, in Cameroon (Central Africa). *PLoS ONE*, 6(5), e20257. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020257>
- Kamgang, B., Ngoagouni, C., Manirakiza, A., Nakouné, E., Paupy, C., & Kazanji, M. (2013). Temporal Patterns of Abundance of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) and Mitochondrial DNA Analysis of *Ae. albopictus* in the Central African Republic. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(12).
<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002590>
- Kotsakiozi, P., Richardson, J. B., Pichler, V., Favia, G., Martins, A. J., Urbanelli, S., Armbruster, P. A., & Caccone, A. (2017). Population genomics of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus*: insights into the recent worldwide invasion. *Ecology and Evolution*, 7(23), 10143–10157. <https://doi.org/10.1002/ece3.3514>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Kuwata, R., Hoshino, K., Isawa, H., Tsuda, Y., Tajima, S., Sasaki, T., Takasaki, T., Kobayashi, M., & Sawabe, K. (2012). Establishment and characterization of a cell line from the mosquito *Culex tritaeniorhynchus* (Diptera: Culicidae). *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Animal*, 48(6), 369–376. <https://doi.org/10.1007/s11626-012-9520-1>
- Lazzarini, L., Barzon, L., Foglia, F., Manfrin, V., Pacenti, M., Pavan, G., Rassa, M., Capelli, G., Montarsi, F., Martini, S., Zanella, F., Padovan, M. T., Russo, F., & Gobbi, F. (2020). First autochthonous dengue outbreak in Italy, August 2020. *Eurosurveillance*, 25(36). <https://doi.org/https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2020.25.36.2001606>
- Lee, E. J., Yang, S. C., Kim, T. K., Noh, B. E., Lee, H. S., Kim, H., Roh, J. Y., & Lee, W. G. (2020). Geographical Genetic Variation and Sources of Korean *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) Populations. *Journal of Medical Entomology*, 57(4), 1057–1068. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz254>
- Leroy, E. M., Nkoghe, D., Ollomo, B., Nze-Nkogue, C., Becquart, P., Grard, G., Pourrut, X., Charrel, R., Moureau, G., Ndjoyi-Mbiguino, A., & De Lamballerie, X. (2009). Concurrent chikungunya and dengue virus infections during simultaneous outbreaks, Gabon, 2007. *Emerging Infectious Diseases*, 15(4), 591–593. <https://doi.org/10.3201/eid1504.080664>
- Livdahl, T. P., & Willey, M. S. (1991). Prospects for an invasion: competition between *Aedes albopictus* and native *Aedes triseriatus*. *Science*, 253(5016), 189 LP – 191. <https://doi.org/10.1126/science.1853204>
- Lounibos, L. P., Suárez, S., Menéndez, Z., Nishimura, N., Escher, R. L., O’Connell, S. M., & Rey, J. R. (2002). Does temperature affect the outcome of larval competition between

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*? *Journal of Vector Ecology : Journal of the Society for Vector Ecology*, 27(1), 86–95.
- Mandal, S. De, Chhakchhuak, L., Gurusubramanian, G., & Kumar, N. S. (2014). Mitochondrial markers for identification and phylogenetic studies in insects – A Review. *DNA Barcodes*, 2(1). <https://doi.org/10.2478/dna-2014-0001>
- Mannasse, B., Mendelson, E., Orshan, L., Mor, O., Shalom, U., Yeager, T., & Lustig, Y. (2017). Usutu virus RNA in mosquitoes, Israel, 2014–2015. *Emerging Infectious Diseases*, 23(10), 1699–1702. <https://doi.org/10.3201/eid2310.171017>
- Martins, V. E. P., Alencar, C. H., Kamimura, M. T., de Carvalho Araújo, F. M., De Simone, S. G., Dutra, R. F., & Guedes, M. I. F. (2012). Correction: Occurrence of Natural Vertical Transmission of Dengue-2 and Dengue-3 Viruses in *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Fortaleza, Ceará, Brazil. *PLoS ONE*, 7(8), e41386. <https://doi.org/10.1371/annotation/bc186d1e-f2fc-4dff-8084-a25cf32b9388>
- Masetti, A., Rivasi, F., & Bellini, R. (2008). Mosquito-based survey for the detection of flaviviruses and filarial nematodes in *Aedes albopictus* and other anthropophilic mosquitoes collected in northern Italy. *New Microbiologica*, 31(4), 457–465. <https://europepmc.org/article/med/19123300>
- McKenzie, B. A., Stevens, K., McKenzie, A. E., Bozic, J., Mathias, D., & Zohdy, S. (2019). *Aedes* Vector Surveillance in the Southeastern United States Reveals Growing Threat of *Aedes japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) and *Aedes albopictus*. *Journal of Medical Entomology*, 56(6), 1745–1749. <https://doi.org/10.1093/jme/tjz115>
- Mesa Despaigne, A., Alvarado Padilla, G., Alberto Maradiaga, J., & Ramos Rosales, R. A. (2013). Primer hallazgo de *Aedes albopictus* en el área metropolitana de Honduras . In *MEDISAN* (Vol. 17, pp. 3001–3009). scielocu .
- Ministerio de Salud Pública. (2019). *Estrategia para la gestión integrada para la vigilancia*,

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

prevención y control de las enfermedades arbovirales en el Ecuador. Dirección Nacional de Normatización. <http://salud.gob.ec>

Ministerio de Transporte y Obras Públicas. (2017). *Estadísticas Portuarias y de Transporte Marítimo*, 2016. https://www.obraspublicas.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2017/09/Boletin-Estadistico-Portuario_2016_MTOP.pdf

Ministerio de Transporte y Obras Públicas. (2018). *Estadísticas Portuarias y de Transporte Marítimo*, 2017. https://www.obraspublicas.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2018/07/SPTMF_Boletin-Estadistico-2017-MTOP.pdf

Ministerio de Transporte y Obras Públicas. (2019). *Estadísticas Portuarias y de Transporte Marítimo*, 2018. https://www.obraspublicas.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2019/07/Boletin-Estadistico-2018_MTOP.pdf

Ministerio de Transporte y Obras Públicas. (2020). *Estadísticas Portuarias y de Transporte Marítimo*, 2019.

Mitchell, C. J., Miller, B. R., & Gubler, D. J. (1987). Vector competence of *Aedes albopictus* from Houston, Texas, for dengue serotypes 1 to 4, yellow fever and Ross River viruses. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 3(3), 460–465. <https://europepmc.org/article/med/2849638>

Mitchell, C. J., Niebylski, M. L., Smith, G. C., Karabatsos, N., Martin, D., Mutebi, J. P., Craig, G. B., & Mahler, M. J. (1992). Isolation of eastern equine encephalitis virus from *Aedes albopictus* in Florida. *Science*, 257(5069), 526–527. <https://doi.org/10.1126/science.1321985>

Mitchell, C. J., Smith, G. C., Karabatsos, N., Moore, C. G., Franci, D. B., & Nasci, R. S. (1996). Isolations of potosi virus from mosquitoes collected in the United States, 1989-94. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 12(1), 1–7. <https://europepmc.org/article/med/8723251>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Mitchell, Carl J., Haramis, L. D., Karabatsos, N., Smith, G. C., & Starwalt, V. J. (1998). Isolation of La Crosse, Cache Valley, and Potosi Viruses from *Aedes* Mosquitoes (Diptera: Culicidae) Collected at Used-Tire Sites in Illinois during 1994-1995. *Journal of Medical Entomology*, 35(4), 573–577. <https://doi.org/10.1093/jmedent/35.4.573>
- Mousson, L., Dauga, C., Garrigues, T., Schaffner, F., Vazeille, M., & Failloux, A. B. (2005). Phylogeography of *Aedes* (Stegomyia) *aegypti* (L.) and *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) based on mitochondrial DNA variations. *Genetical Research*, 86(1), 1–11. <https://doi.org/10.1017/S0016672305007627>
- Naim, D. M., Kamal, N. Z. M., & Mahboob, S. (2020). Population structure and genetic diversity of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Penang as revealed by mitochondrial DNA cytochrome oxidase I. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 27(3), 953–967. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2020.01.021>
- Navarro, J.-C., Enríquez, S., Duque, P., Campana, Y., & Benítez-Ortíz, W. (2015). New mosquito species records for Ecuador, from Pululahua volcano (Andes) and Napo province (Amazon). *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 3(6), 392–396.
- Navarro, J.-C., Quintero, L., Zorrilla, A., & González, R. (2013). Molecular Tracing with Mitochondrial ND5 of the Invasive Mosquito *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* (Skuse) in Northern South America. ~ 32 ~ *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 1(4), 32–38. <https://www.entomoljournal.com/archives/?year=2013&vol=1&issue=4&ArticleId=88>
- Navarro, J.-C., Zorrilla, A., & Moncada, N. (2009). Primer registro de *Aedes albopictus* (Skuse) en Venezuela: Importancia como vector de Dengue y acciones a desarrollar . In *Boletín de Malariología y Salud Ambiental* (Vol. 49, pp. 161–166). scielon .
- Nucleotide [Internet]. *Aedes albopictus* cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. MF101840. (2017). National Center for Biotechnology

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MF101840.1>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27303 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266942. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266942>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27308 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266943. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266943>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27309 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266944. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266944>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27310 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266946. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266946>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27311 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266947. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266947>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27313 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266945. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266945>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27314 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266948. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266948>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27316 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266949. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266949>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27416 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266899. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266899>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27417 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266900. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266900>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27418 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266901. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266901>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27419 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266902. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266902>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27420 haplotype H2 cytochrome c

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266903.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266903>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27421 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266904.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266904>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27422 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266905.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266905>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27423 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266906.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266906>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27424 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266907.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266907>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27425 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266908.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266908>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27426 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266909.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266909>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27427 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266910.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266910>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27428 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266911.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266911>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27429 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266912.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266912>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27430 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266913.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266913>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27431 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266914.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266914>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27432 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266915.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266915>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27433 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266916. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266916>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27434 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266917. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266917>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27435 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266918. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266918>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27436 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266919. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266919>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27437 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266920. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266920>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27438 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266921. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK266921>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27439 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266922. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266922>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27440 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266923. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266923>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27441 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266924. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266924>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27442 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266925. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266925>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27444 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266926. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266926>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27462 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266927. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266927>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27463 haplotype H2 cytochrome c

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266928.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266928>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27464 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266929.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266929>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27465 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266930.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266930>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27466 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266931.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266931>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27467 haplotype H2 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266932.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266932>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27468 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266933.
(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266933>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27469 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266934.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266934>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27470 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266935.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266935>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27471 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266936.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266936>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27472 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266937.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266937>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27473 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266938.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266938>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27474 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266939.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266939>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27475 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266940.

(2021). National Center for Biotechnology Information (US).

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266940>

Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher ECU27476 haplotype H1 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. OK266941. (2021). National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OK266941>

Oter, K., Gunay, F., Tuzer, E., Linton, Y. M., Bellini, R., & Alten, B. (2013). First record of *Stegomyia albopicta* in Turkey determined by active ovitrap surveillance and DNA barcoding. In *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* (Vol. 13, Issue 10, pp. 753–761). National Center for Biotechnology Information (US). <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1093>

Paiva, M. H. S., Santos, S. A., Silva, N. M., Bicudo, M., Ayres, C. F. J., Leal, W. S., & Barbosa, R. M. (2014). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus isolate Aeaalbopictus_OM1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KP211400. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KP211400>*

Panda, D., Swain, S. N., & Barik, T. K. (2018). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds. Accession No. MK284525. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MK284525>*

Pech-May, A., Moo-Llanes, D. A., Puerto-Avila, M. B., Casas, M., Danis-Lozano, R., Ponce, G., Tun-Ku, E., Pinto-Castillo, J. F., Villegas, A., Ibáñez-Piñón, C. R., González, C., & Ramsey, J. M. (2016). Population genetics and ecological niche of invasive *Aedes albopictus* in Mexico. *Acta Tropica*, 157, 30–41. <https://doi.org/10.1016/J.ACTATROPICA.2016.01.021>

Pereira-dos-Santos, T., Roiz, D., Lourenço-de-Oliveira, R., & Paupy, C. (2020). A Systematic

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Review: Is *Aedes albopictus* an Efficient Bridge Vector for Zoonotic Arboviruses? In *Pathogens* (Vol. 9, Issue 4). <https://doi.org/10.3390/pathogens9040266>
- Pereira dos Santos, T., Roiz, D., Santos de Abreu, F. V., Luz, S. L. B., Santalucia, M., Jiolle, D., Santos Neves, M. S. A., Simard, F., Lourenço-de-Oliveira, R., & Paupy, C. (2018). Potential of *Aedes albopictus* as a bridge vector for enzootic pathogens at the urban-forest interface in Brazil. *Emerging Microbes & Infections*, 7(1), 1–8. <https://doi.org/10.1038/s41426-018-0194-y>
- Prioteasa, L., Dinu, S., Falcuta, E., Oprisan, G., Gatej, R., Badescu, D., & Ceianu, C. (2012). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus mitochondrial partial COI gene for cytochrome oxidase subunit I. Accession No. HF536717*. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/HF536717>
- Prioteasa, L., Dinu, S., Falcuta, E., Oprisan, G., Gatej, R., Badescu, D., & Ceianu, C. (2015a). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus mitochondrial partial COI gene for cytochrome oxidase subunit I. Accession No. LN808745*. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/LN808745>
- Prioteasa, L., Dinu, S., Falcuta, E., Oprisan, G., Gatej, R., Badescu, D., & Ceianu, C. (2015b). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus mitochondrial partial COI gene for cytochrome oxidase subunit I. Accession No. LN808746*. National Center for Biotechnology Information (US). <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/LN808746>
- Puggioli, A., Bonilauri, P., Calzolari, M., Lelli, D., Carrieri, M., Urbanelli, S., Pudar, D., & Bellini, R. (2017). Does *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) play any role in Usutu virus transmission in Northern Italy? Experimental oral infection and field evidences. *Acta Tropica*, 172, 192–196. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.05.006>
- Punu, G. (2017). *Aedes insecticide resistance surveillance protocol*.
- Raharimalala, F. N., Ravaomanarivo, L. H., Ravelonandro, P., Rafaraso, L. S., Zouache, K.,

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Tran-Van, V., Mousson, L., Failloux, A. B., Hellard, E., Moro, C. V., Ralisoa, B. O., & Mavingui, P. (2012). Biogeography of the two major arbovirus mosquito vectors, *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (Diptera, Culicidae), in Madagascar. *Parasites and Vectors*, 5(1). <https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-56>
- Rai, K. S. (1991). *Aedes albopictus* in the Americas. *Annual Review of Entomology*, 36(1), 459–484. <https://doi.org/10.1146/annurev.en.36.010191.002331>
- Ramachandra Rao, T., Singh, K. R. P., Dhanda, V., & Bhatt, P. N. (1967). Experimental transmission of Chandipura virus by mosquitoes. *Indian Journal of Medical Research*, 12.
- Reinhold, J. M., Lazzari, C. R., & Lahondère, C. (2018). Effects of the environmental temperature on *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* mosquitoes: A review. In *Insects* (Vol. 9, Issue 4, p. 158). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/insects9040158>
- Reiter, P. (1998). *Aedes albopictus* and the world trade in used tires, 1988-1995: The shape of things to come? *Journal of the American Mosquito Control Association*, 14(1), 83–94. <https://europepmc.org/article/med/9599329>
- Rey, J. R., & Lounibos, P. (2015). Ecología de *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus* en América y transmisión enfermedades. *Biomedica*, 35(2), 177–185. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v35i2.2514>
- Rezza, G., Nicoletti, L., Angelini, R., Romi, R., Finarelli, A., Panning, M., Cordioli, P., Fortuna, C., Boros, S., Magurano, F., Silvi, G., Angelini, P., Dottori, M., Ciufolini, M., Majori, G., & Cassone, A. (2007). Infection with chikungunya virus in Italy: an outbreak in a temperate region. *Lancet*, 370(9602), 1840–1846. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(07\)61779-6](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(07)61779-6)
- Rossi, G. C., & Martínez, M. (2003). Mosquitos (Diptera: Culicidae) del Uruguay. *Entomología y Vectores*, 10(4), 469.
- Rossi, G. C., Pascual, N. T., & Krsticevic, F. J. (1999). First record of *Aedes albopictus* (Skuse)

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- from Argentina. *Journal of the American Mosquito Control Association-Mosquito News*, 15(3), 422.
- Ruiling, Z., Peien, L., Xuejun, W., & Zhong, Z. (2018). Molecular analysis and genetic diversity of *Aedes albopictus* (Diptera, Culicidae) from China. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 29(4), 594–599. <https://doi.org/10.1080/24701394.2017.1325481>
- Ruiling, Z., Tongkai, L., Zhendong, H., Guifen, Z., Dezhen, M., & Zhong, Z. (2018). Genetic analysis of *Aedes albopictus* (Diptera, Culicidae) reveals a deep divergence in the original regions. *Acta Tropica*, 185, 27–33. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.05.001>
- Sardelis, M. R., Turell, M. J., O'Guinn, M. L., Andre, R. G., & Roberts, D. R. (2002). Vector competence of three North American strains of *Aedes albopictus* for West Nile virus. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 18(4), 284–289. <https://europepmc.org/article/med/12542184>
- Savage, H. M., Smith, G. C., Mitchell, C. J., McLean, R. G., & Meisch, M. V. (1994). Vector competence of *Aedes albopictus* from Pine Bluff, Arkansas, for a St. Louis encephalitis virus strain isolated during the 1991 epidemic. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 10(4), 501–506.
- Shaikevich, Elena, & Talbalaghi, A. (2013). Molecular Characterization of the Asian Tiger Mosquito *Aedes albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) in Northern Italy. *ISRN Entomology*, 2013, 1–6. <https://doi.org/10.1155/2013/157426>
- Shaikevich, E. V., Patraman, I. V., Bogacheva, A. S., Rakova, V. M., Zelya, O. P., & Ganushkina, L. A. (2018). Invasive mosquito species *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* on the Black Sea coast of the Caucasus: genetics (COI, ITS2), Wolbachia and *Dirofilaria* infections. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektzii*, 22(5), 574–585. <https://doi.org/10.18699/VJ18.397>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

- Sherpa, S., Rioux, D., Pougnet-Lagarde, C., & Després, L. (2018). Genetic diversity and distribution differ between long-established and recently introduced populations in the invasive mosquito *Aedes albopictus*. *Infection, Genetics and Evolution*, 58, 145–156. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.12.018>
- Shinde, L. V., & Thete, K. D. (2013). *Nucleotide [Internet]. Aedes albopictus voucher GN 8 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial. Accession No. KC970275. National Center for Biotechnology Information (US).* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/KC970275>
- Smith, G. C., & Francly, D. B. (1991). Laboratory studies of a Brazilian strain of *Aedes albopictus* as a potential vector of Mayaro and Oropouche viruses. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 7(1), 89–93. <https://europepmc.org/article/med/1646286>
- Takashima, I., & Hashimoto, N. (1985). Getah virus in several species of mosquitoes. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 79(4), 546–550. [https://doi.org/10.1016/0035-9203\(85\)90091-4](https://doi.org/10.1016/0035-9203(85)90091-4)
- Tesh, R. B. (1975). Multiplication Phlebotomus phlebotomus fever group arboviruses in mosquitoes after intrathoracic inoculation. *Journal of Medical Entomology*, 12(1), 1–4. <https://doi.org/10.1093/jmedent/12.1.1>
- Tesh, R. B. (1980a). Infectivity and pathogenicity of Nodamura virus for mosquitoes. *Journal of General Virology*, 48(1), 177–182. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-48-1-177>
- Tesh, R. B. (1980b). Experimental studies on the transovarial transmission of Kunjin and San Angelo viruses in mosquitoes. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 29(4), 657–666. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1980.29.657>
- Tomori, O., & Aitken, T. H. G. (1978). Orungo virus: transmission studies with *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology*, 14(5), 523–526. <https://doi.org/10.1093/jmedent/14.5.523>

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

Torales Ruot, M. (2017). *Plan de manejo integrado de vectores*.
[http://dgvs.mspbs.gov.py/webdgvs/files/malaria/PLAN_MIV_MANEJO_INTEGRADO
_DE_VECTORES_2017.pdf](http://dgvs.mspbs.gov.py/webdgvs/files/malaria/PLAN_MIV_MANEJO_INTEGRADO_DE_VECTORES_2017.pdf)

Turell, M., Bailey, C. L., & Beaman, J. (1988). Vector competence of a Houston, Texas strain of *Aedes albopictus* for Rift Valley fever virus. *Journal of the American Mosquito Control Association*.

Turell, M. J., Beaman, J. R., & Neely, G. W. (1994). Experimental transmission of eastern equine encephalitis virus by strains of *Aedes albopictus* and *A. taeniorhynchus* (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology*, 31(2), 287–290.
<https://doi.org/10.1093/jmedent/31.2.287>

Turell, Michael J., O'Guinn, M. L., Dohm, D. J., & Jones, J. W. (2001). Vector competence of North American mosquitoes (Diptera: Culicidae) for West Nile virus. *Journal of Medical Entomology*, 38(2), 130–134. <https://doi.org/10.1603/0022-2585-38.2.130>

Usmani-Brown, S., Cohnstaedt, L., & Munstermann, L. E. (2009). Population Genetics of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) Invading Populations, Using Mitochondrial nicotinamide Adenine Dinucleotide Dehydrogenase Subunit 5 Sequences. *Annals of the Entomological Society of America*, 102(1), 144–150.
<https://doi.org/10.1603/008.102.0116>

Vega-Rúa, A., Marconcini, M., Madec, Y., Manni, M., Carraretto, D., Gomulski, L. M., Gasperi, G., Failloux, A. B., & Malacrida, A. R. (2020). Vector competence of *Aedes albopictus* populations for chikungunya virus is shaped by their demographic history. *Communications Biology*, 3(1), 1–13. <https://doi.org/10.1038/s42003-020-1046-6>

Vélez, I. D., Quiñones, M. L., Suárez, M., Olano, V., Murcia, L. M., Correa, E., Arévalo, C., Pérez, L., Brochero, H., & Morales, A. (1998). Presencia de *Aedes albopictus* en Leticia, Amazonas, Colombia. *Biomédica*, 18(3), 192.

ORIGEN FILOGEOGRÁFICO DE *Aedes albopictus* (SKUSE) EN ECUADOR INFERIDO
POR ADN MITOCONDRIAL

<https://doi.org/10.7705/biomedica.v18i3.990>

- Vythilingam, I., Oda, K., Chew, T. K., Mahadevan, S., Vijayamalar, B., Morita, K., Tsuchie, H., & Igarashi, A. (1995). Isolation of Japanese encephalitis virus from mosquitoes collected in Sabak Bernam, Selangor, Malaysia in 1992. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 11(1), 94–98. <https://europepmc.org/article/med/7616198>
- Weng, M. H., Lien, J. C., Wang, Y. M., Lin, C. C., Lin, H. C., & Chin, C. (1999). Isolation of Japanese encephalitis virus from mosquitoes collected in Northern Taiwan between 1995 and 1996. *Journal of Microbiology, Immunology, and Infection = Wei Mian Yu Gan Ran Za Zhi*, 32(1), 9–13. <https://europepmc.org/article/med/11561572>
- WHO Meeting Regional Committee. (1986). *Aedes albopictus in the Americas*. Pan American Health Organization.
- Wimalasiri-Yapa, B. M. C. R., Stassen, L., Hu, W., Yakob, L., McGraw, E. A., Pyke, A. T., Jansen, C. C., Devine, G. J., & Frentiu, F. D. (2019). Chikungunya virus transmission at low temperature by aedes albopictus mosquitoes. *Pathogens*, 8(3), 149. <https://doi.org/10.3390/pathogens8030149>
- Zawani, M. K. N., Abu, H. A., Sazaly, A. B., Zary, S. Y., & Darlina, M. N. (2014). Population genetic structure of aedes albopictus in Penang, Malaysia. *Genetics and Molecular Research*, 13(4), 8184–8196. <https://doi.org/10.4238/2014.October.7.13>
- Žitko, T., Kovačić, A., Desdevises, Y., & Puizina, J. (2011). Genetic variation in East-Adriatic populations of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae), inferred from NADH5 and COI sequence variability. *European Journal of Entomology*, 108(4), 501–508. <https://doi.org/10.14411/eje.2011.065>