

RESUMEN

El dengue clásico y la fiebre hemorrágica por dengue son enfermedades transmitidas por el mosquito *Aedes aegypti*. La resistencia de estos vectores a los insecticidas, se ha indicado que es uno de los más importantes factores que contribuye a la ineficacia de los programas de control que se instauran, por ello su proliferación exponencial es un elemento indispensable a considerar estos. Este fenómeno que se ha extendido de forma dramática es el resultado de la lucha incesante que se ha operado en las intensas campañas dirigidas a erradicar a los vectores del dengue. La resistencia se ha desarrollado a cada uno de los grupos toxicológicos insecticidas, incluyendo microbiales y reguladores del desarrollo en insectos. En la actualidad la investigación se ha enfatizado en los mecanismos moleculares de la resistencia y su manejo racional, con la visión de controlar el desarrollo y la diseminación de poblaciones de vectores resistentes. Los mecanismos de resistencia a insecticidas tienen una base bioquímica. Las dos principales formas de resistencia bioquímica son: resistencia en el sitio blanco y enzimas detoxificativas. El conocimiento de que mecanismo de resistencia está actuando sobre una población de mosquitos nos permitiría establecer programas de control más eficaces, debido a esto el objetivo de este estudio fue la identificación del gen de resistencia ACE^R mediante técnicas moleculares como es la amplificación de fragmentos de DNA por PCR, para esto se extrajo el DNA de 100 mosquitos hembra de por cada una de 10 localidades del estado de Veracruz, México. Los resultados indican que solo una de las diez localidades. Coatzacoalcos, presenta la mutación al gen ACE^R (Acetilcolinesterasa insensible).