

Resumen del congreso en digital

Estudio de variaciones genéticas del vector *Aedes aegypti* procedentes de dos poblaciones geográficas mediante la utilización tres marcadores moleculares.

Britez, Sady¹; Céspedes, Enmanuel¹; Rolón, Leticia²; González, Gianina²;
González-Britez, Nilsa^{1,2}

1. Universidad Nacional de Asunción, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Laboratorio de Entomología, Dpto. de Medicina Tropical.

2. Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Carreras de Biología y Biotecnología.

El mosquito *Aedes aegypti* es en gran parte responsable de la transmisión del virus del dengue. El análisis de las variantes génicas poblacionales permite el reconocimiento de genes que pueden estar involucrados con la presencia de susceptibilidad o resistencia a insecticidas. El presente estudio consistió en determinar la variabilidad génica inter-poblacional e intra-poblacional de mosquitos *Aedes aegypti* capturados en las ciudades de San Lorenzo y Piribebuy. El diseño del trabajo fue observacional, descriptivo con muestras adultas de *Aedes aegypti* colectadas de las ciudades de Piribebuy y San Lorenzo en el periodo 2017-2018. Se extrajo el ADN y se realizó la amplificación de genes mediante los marcadores ISSR, RAPD y RFLP.

Los análisis de variaciones genéticas para diferentes niveles jerárquicos fueron significativos con el marcador ISSR. Se determinó según este parámetro que 95.6% de la varianza en las frecuencias alélicas se expresa dentro de cada población y solo el 4.3% de la varianza se atribuye a diferencias entre las poblaciones. Mediante el marcador RAPD se amplificó un total de 24 loci, en el cual el cebador H3 presentó 83% de loci polimórficos, y un bajo grado de diferenciación genética (G_{st} : 0.03) entre las poblaciones de estudio, así mismo, el cebador A2 presentó 95.8% de loci polimórficos, y similar grado de diferenciación genética (G_{st} : 0.03) entre las poblaciones. El marcador RFLP evidenció la homogeneidad genética entre ambas poblaciones de estudio.

El análisis no demostró diferencias genéticas entre las poblaciones del mosquito *Aedes aegypti* de los municipios de Piribebuy y San Lorenzo, a pesar del alto polimorfismo de los loci. Esto nos lleva a pensar en que existen posibles migraciones o transporte de mosquitos entre poblaciones.

PALABRAS CLAVE: *Aedes aegypti*, variabilidad genética, ISSR, RAPD, RFLP

Financiación: Este estudio fue realizado en el marco del Proyecto PINV15-777 Co financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología- CONACYT con recursos de FEEL.