

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Aedes aegypti* DE DOS ZONAS ENDÉMICAS PARA DENGUE EN PARAGUAY

Brítez Sady; Céspedes Emmanuel; Rolón Leticia; Ferreira María; González Gianina[†]; González Cinthya, Acosta Nidia; López Elsa; González-Brítez Nilsa

Universidad Nacional de Asunción, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Laboratorio de Entomología Medica, Dpto. de Medicina Tropical. e-mail: gbritez.nilsa@gmail.com

INTRODUCCIÓN



Aedes aegypti es el principal transmisor del DENV en Paraguay⁽¹⁾.

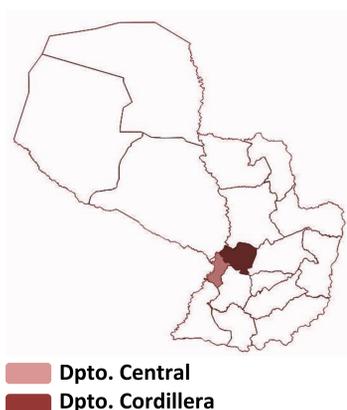
El conocimiento de la variabilidad genética poblacional de este vector contribuye con el mejoramiento de estrategias de manejos de control vectorial, así como del entendimiento de su dinámica poblacional^(2,3).

OBJETIVO

Estudiar la variabilidad genética de las poblaciones de *Aedes aegypti* procedentes de los Departamentos Central y Cordillera del Paraguay.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de estudio

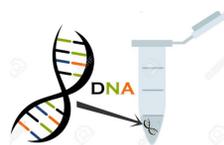


1. Colecta de material biológico



Cría hasta fase adulta

2. Procesamiento de DNA



20 mosquitos ♀ por Dpto / marcador

3. Amplificación por PCR



Marcadores ISSR - RAPD - RFLP

4. Análisis de resultados

ISSR: Varianza de frecuencias alélicas
ARLEQUIN
RAPD: Estimadores poblacionales
POPGENE
PCR-RFLP: Comparación de patrones de bandas.

RESULTADOS

ISSR-PCR

San Lorenzo - Dpto. Central
Piribebuy - Dpto. Cordillera

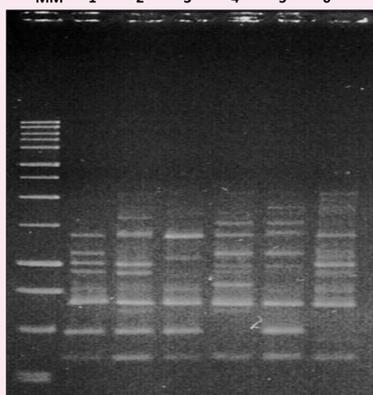


Figura 1. Perfil de bandas obtenidas con el cebador ISSR-7

RAPD-PCR

San Lorenzo - Dpto. Central
Piribebuy - Dpto. Cordillera

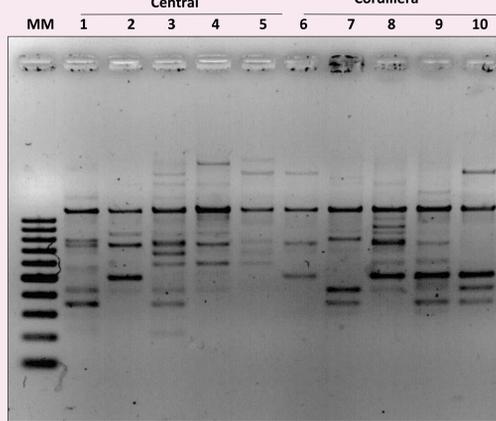


Figura 2. Perfil de bandas obtenidos con el cebador H3. Fragmentos comunes de 1200 y 750 pb. aprox.

Tabla 1. Estimadores de diversidad genética Nei (1973).

Municipios de S. Lorenzo - Piribebuy	Cebador H3	Cebador A2	Cebador B13
I	0.4697	0.4871	0.4709
Ht	0.3178	0.3205	0.3078
Hs	0.3094	0.3112	0.3024
Gst	0.0264	0.0289	0.0270
h	0.3178	0.3205	0.3289
Nm	18.456	16.771	17.789

I: Índice de Shanon
Ht: Diversidad total de genes
Hs: Diversidad de genes relativa a la pob.
Gst: Estimador de estructura génica pob.
h: Diversidad genética de Nei, 1973
Nm: Distancia genética

PCR-RFLP/ITS2 - Sac II

San Lorenzo - Departamento Central
Piribebuy - Departamento Cordillera
Amplicones sin cortar

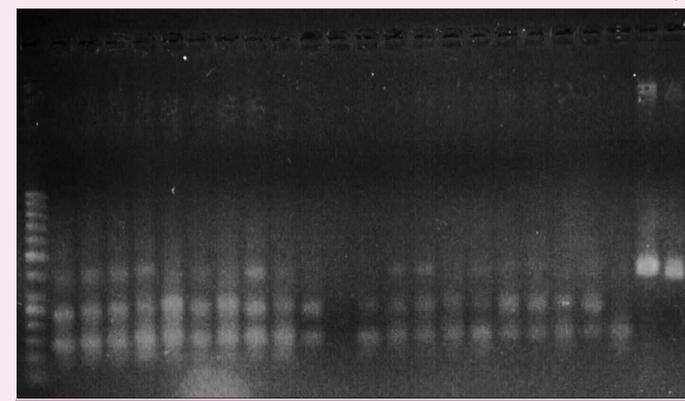


Figura 3. Perfil de bandas obtenidos mediante restricción de amplicones ITS2 con Sac II.

DISCUSIÓN

Los valores de los estimadores de diversidad genética obtenidos con los cebadores en RAPD, e ISSR no varían significativamente y son similares a otros estudios relacionados.^(4, 5) Los patrones de bandas obtenidos por RFLP no varían y estudios realizados previamente demostraron homogeneidad entre poblaciones⁽⁶⁾, en nuestro trabajo el hallazgo fue similar.

CONCLUSIÓN

Se observó baja diferenciación genética en poblaciones de *Ae. aegypti* de dos departamentos de Paraguay, incluso con alto polimorfismo de loci. Los resultados infieren migración entre poblaciones y posibles características originarias comunes

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Lourenço de Oliveira *et al.* (2013). BMC Infectious Diseases, 13:610.
2. Bracco JE., *et al.* Mem Inst Oswaldo Cruz. 2007;102(5):573-80.
3. Hiragi C., *et al.* (2004). Rev Peru Med Exp Salud Pública. 21:158-66.
4. Dos Santos P., *et al.* (2006). Rev. Genetics and Molecular Biology.
5. Gorrochotegui Escalant N., *et al.* (2000). Am J Trop Med Hyg..
6. Leiva N. & Cáceres O. (2004). Rev Peru Med Exp Salud Pública. 21:158-66.

FINANCIACIÓN