

# 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<sup>†</sup>; 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<sup>(1)</sup>.

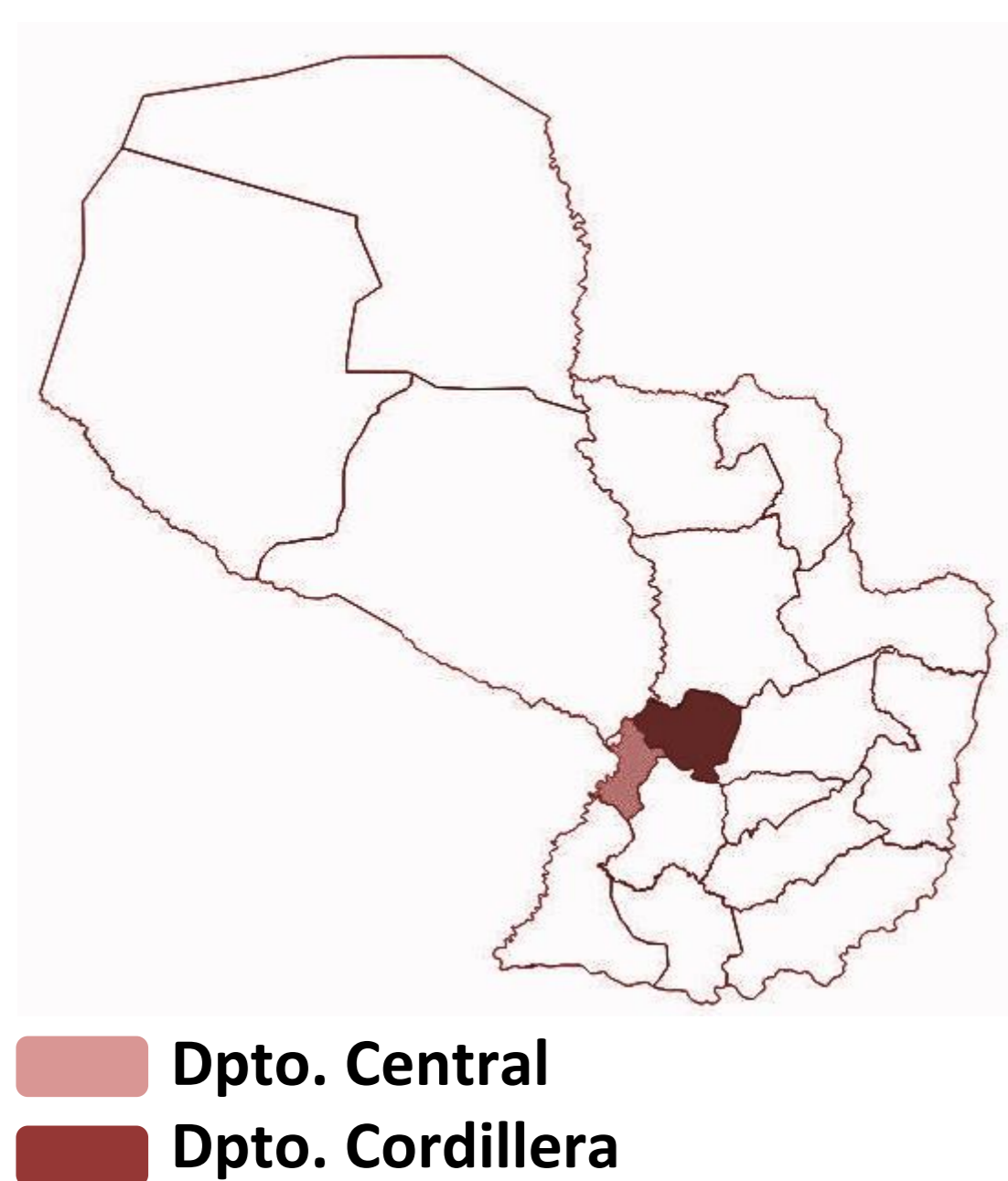
El conocimiento de la variabilidad genética poblacional de este vector contribuye con el mejoramiento de estrategias de manejos de control vectorial, así como del entendimiento de su dinámica poblacional<sup>(2,3)</sup>.

## 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

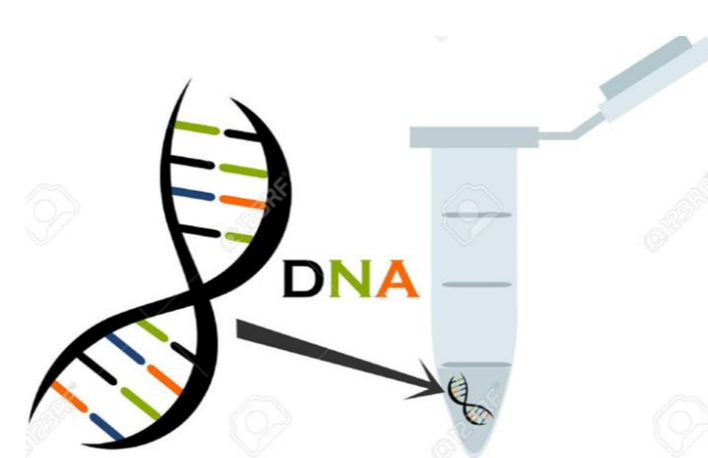


### 1. Colecta de material biológico



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

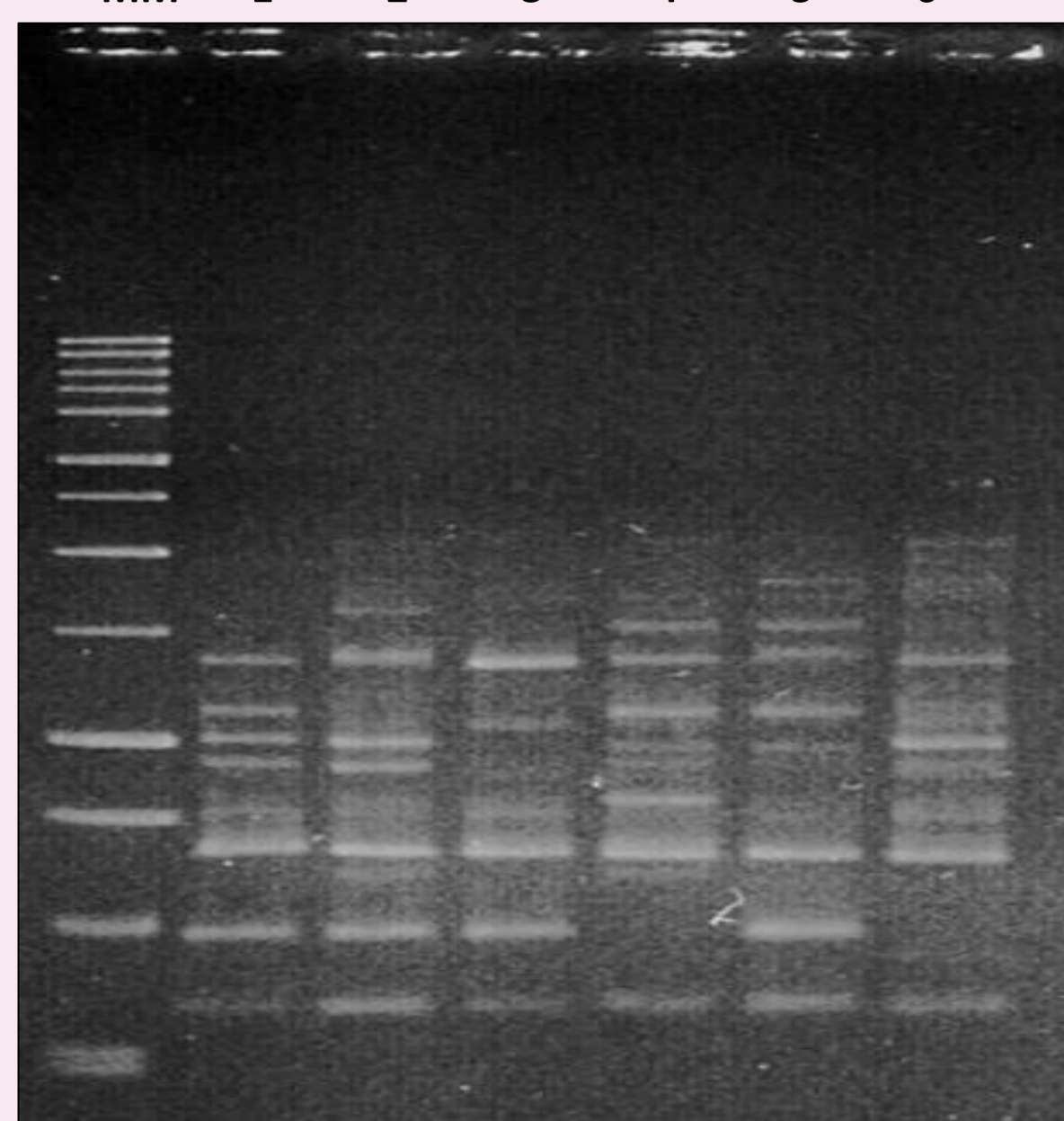


Figura 1. Perfil de bandas obtenidas con el cebador ISSR-7

### RAPD-PCR

San Lorenzo - Dpto. Central  
Piribebuy - Dpto. Cordillera

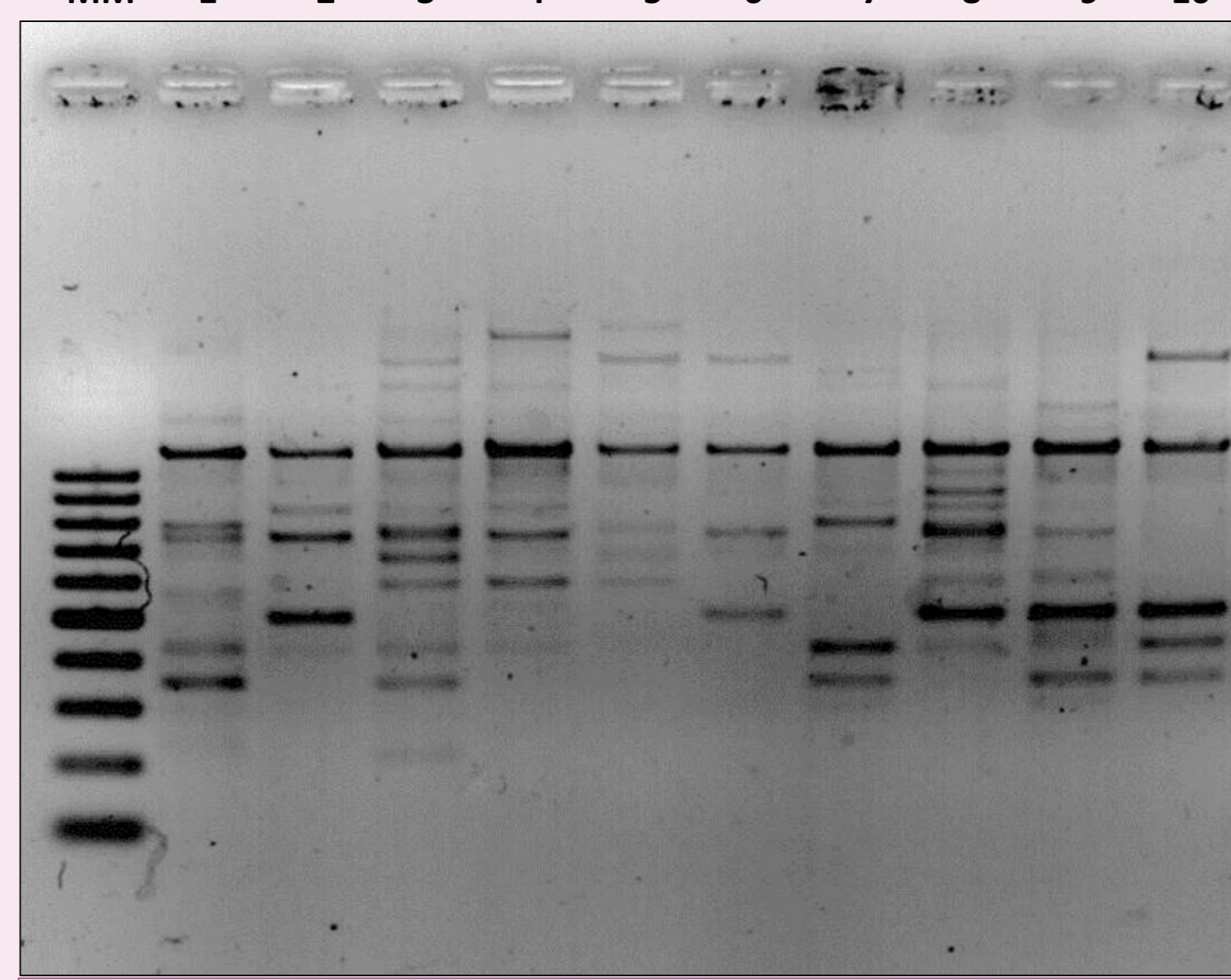


Figura 2. Perfil de bandas obtenidos con el cebador H3. Fragmentos comunes de 1200 y 750 pb. aprox.

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

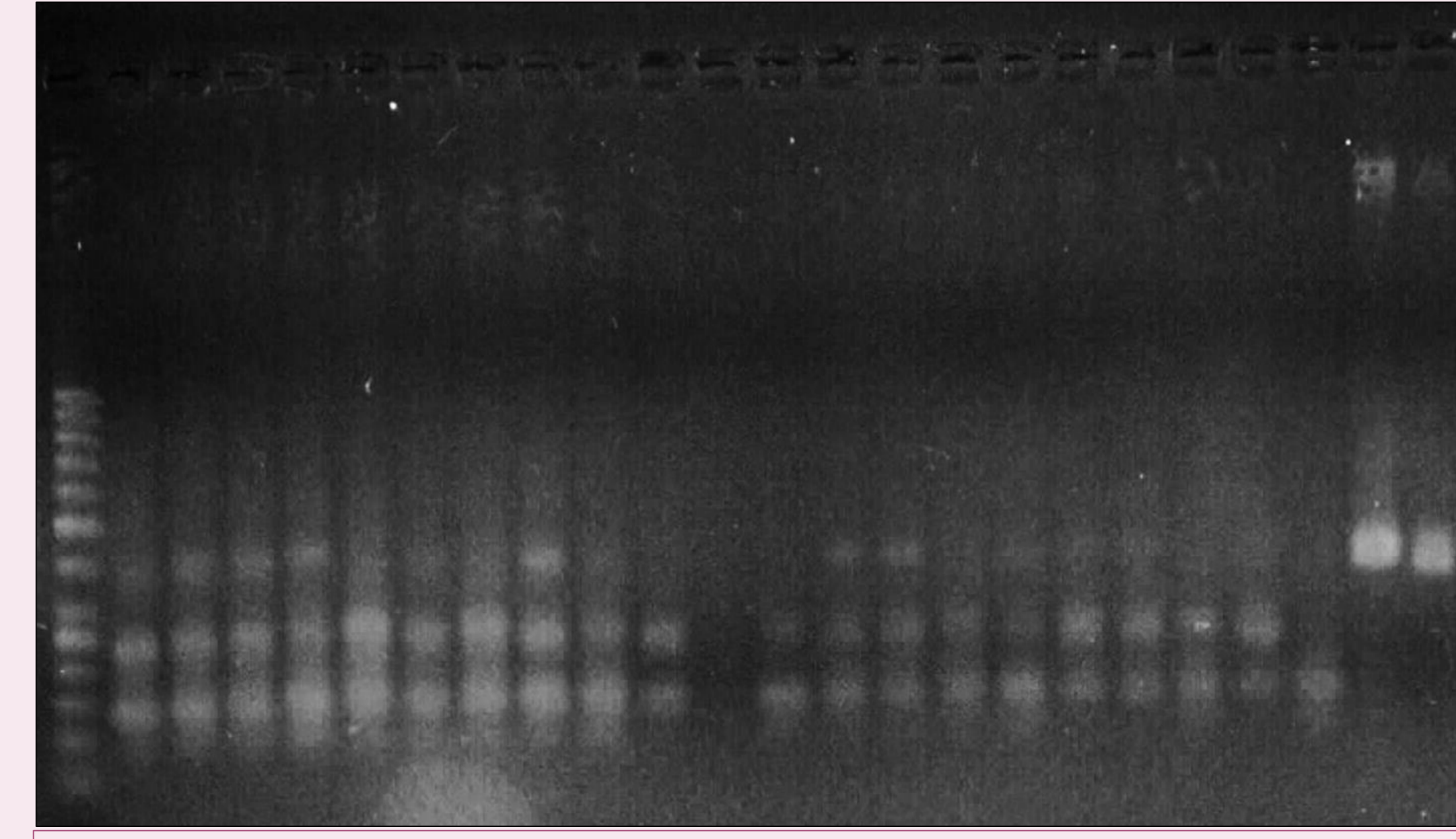


Figura 3. Perfil de bandas obtenidos mediante restricción de amplicones ITS2 con Sac II.

## 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.<sup>(4, 5)</sup> Los patrones de bandas obtenidos por RFLP no varían y estudios realizados previamente demostraron homogeneidad entre poblaciones<sup>(6)</sup>, 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