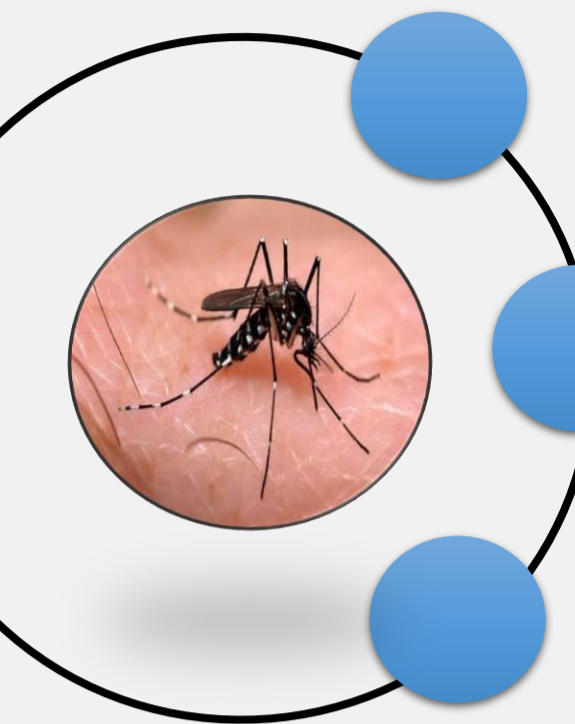


Baja diferenciación genética detectada en dos poblaciones de *Aedes aegypti* circulantes en Paraguay

Céspedes, Emanuel E; Brites, Sady C; González, Nilsa E; Ferreira, María C; González, Cinthya C; Acosta Nidia G; López, Elsa D; López, Y; Vázquez, F; Rodríguez, C.
Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción (IICS-UNA). Asunción – Paraguay.
e-mail: grbites.nilsa@gmail.com

Código: 9329773

INTRODUÇÃO - OBJETIVO



Aedes aegypti

Vector del DENV, CHIKV, ZIKV en Paraguay (1)

Relevancia del estudio de variabilidad genética

Comprender la historia evolutiva, la epidemiología de la enfermedad, diseño y mejoramiento de estrategias de control vectorial para áreas endémicas de arbovirosis (2).

Técnicas moleculares utilizados para variabilidad genética de *Aedes aegypti*:

Marcadores RFLP, AFLP, RAPD, Microsatélites, secuenciación de ITS, NAD4 (3, 4).



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

MATERIAIS E MÉTODOS

1. Captura y mantenimiento de mosquitos identificados



2. Extracción de DNA



Chelex®
-20 mosquitos ♀ del Distrito de San Lorenzo (Dpto. Central).
-20 mosquitos ♀ del Distrito de Piribebuy (Dpto. de Cordillera).

3. Cuantificación de DNA



PCR-RFLP
ITS2-*Sac*II



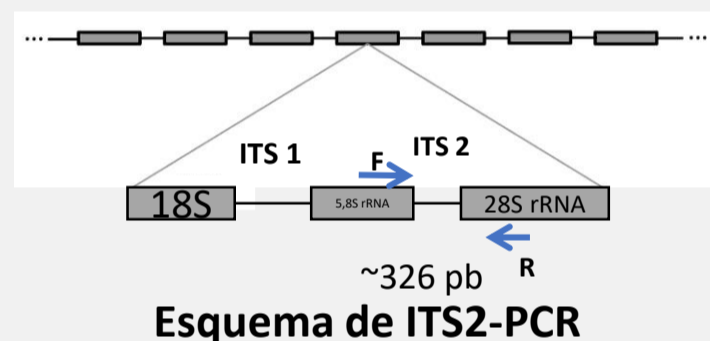
RAPD-PCR
H3, A2

5. Electroforesis en gel de agarosa y visualización bajo transiluminador con luz UV. SYBR™ Safe™

6. Análisis de resultados

PCR-RFLP:
Comparación de patrones de bandas.

RAPD:
Estimadores poblacionales
→ POPGENE



RESULTADOS

PCR-RFLP/ITS2 - *Sac* II

Amplicones sin cortar

San Lorenzo - Dpto. Central

Piribebuy - Dpto. de Cordillera

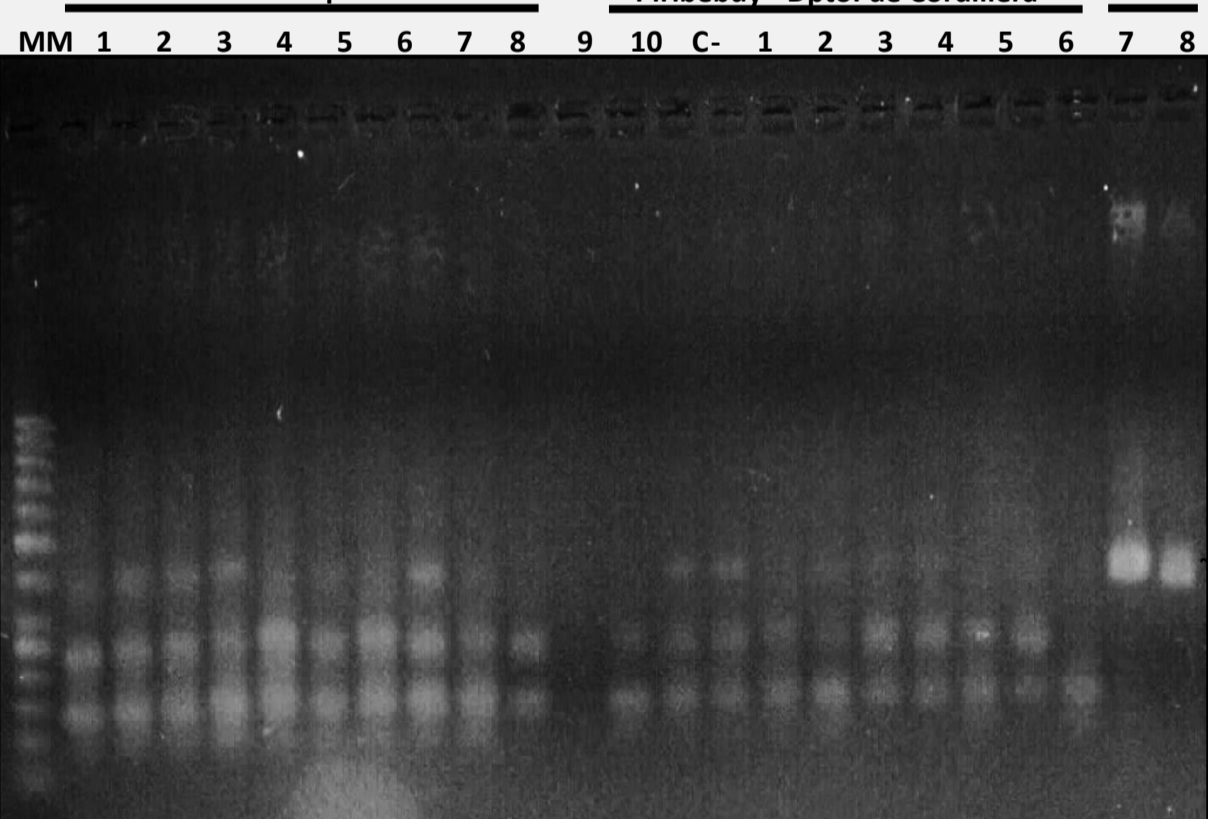


Figura 1. Perfil de bandas obtenidos mediante restricción de amplicones ITS2 con *Sac* II.

RAPD-PCR

San Lorenzo - Dpto. Central

Piribebuy - Dpto. de Cordillera

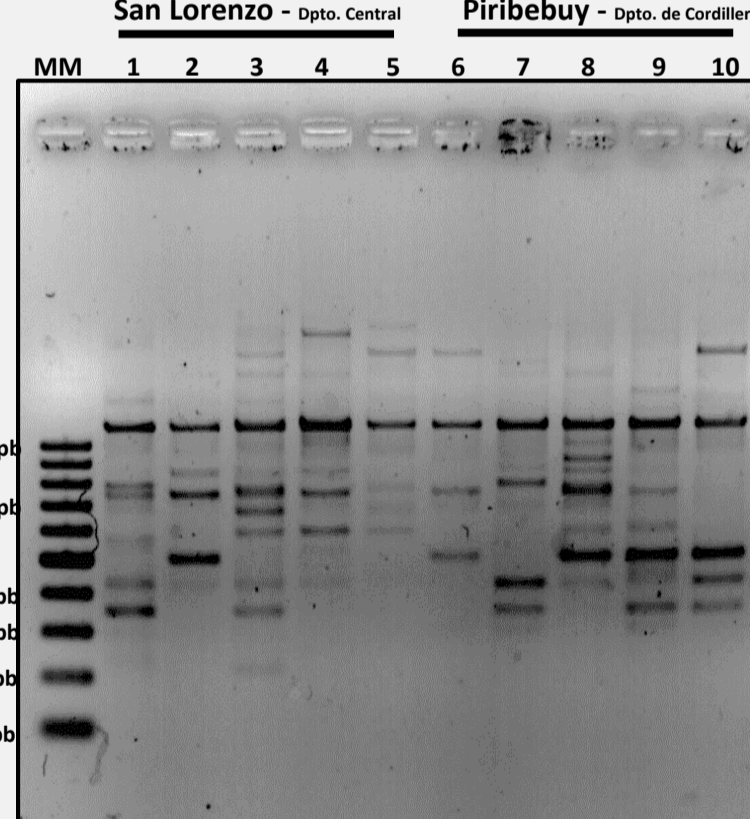


Figura 2. Perfil de bandas obtenidos con el cebador H3. Se muestran los fragmentos comunes de 1200 y 750 pb. aprox.

San Lorenzo y Piribebuy	Cebador H3	Cebador A2
I	0.4697	0.4871
Ht	0.3178	0.3205
Hs	0.3094	0.3112
Gst	0.0264	0.0289

Tabla 1. Estimadores de Diversidad Genética (Nei, 1973)

DISCUSSÃO

Los patrones de bandas obtenidos en RFLP-PCR, indican que existe homogeneidad genética entre ambas poblaciones de estudio. El blanco ITS2 ha sido evaluado por (Nélida, G, *et al*, 2004), y es capaz de determinar variantes genéticas interpoblacionales. Los valores de los estimadores de diversidad genética obtenidos con ambos cebadores en RAPD, no varían significativamente y son similares a estudios relacionados (Dos santos *et al*, 2006; Gorrochotegui *et al*, 2000). El valor *Gst* obtenido entre las poblaciones de estudio (Tabla 1) reveló un bajo grado de diferenciación genética según el criterio de clasificación de (Hart y Clark, 1997).

CONCLUSÃO

El estudio aporta los primeros conocimientos sobre la genética poblacional de los mosquitos circulantes en los distritos de San Lorenzo del Departamento Central y Piribebuy del Departamento de Cordillera del Paraguay. Se ha detectado bajo grado de diferenciación genética, utilizando los marcadores RFLP (ITS2-*Sac*II) y RAPD (H3 y A2).

¡Baja diferenciación genética interpoblacional!

REFERÊNCIAS

FINANCIAMENTO

1. Lourenço de Oliveira *et al*. (2013). BMC Infectious Diseases, 13:610.
2. Jeffrey, R, *et al*, (2018). BioScience. Vol. 68. No. 11.
3. Costa-Ribeiro Magda Clara Vieira da, *et al*. (2006). Mem. Inst. Oswaldo Cruz; 101(8): 917-921
4. Leiva N & Cáceres O. (2004). Rev Peru Med Exp Salud Pública. 21:158-66.
5. Gorrochotegui Escalant N., *et al*. (2000). Am J Trop Med Hyg..
6. Yan G., *et al* (1998). Genetics;148:793-800.
7. Dos Santos P., *et al*. (2006). Rev. Genetics and Molecular Biology.
8. Hartl DL, Clark AG (1997) Principles of Population Genetics, 3rd edn. Sinauer Associates, Inc, Sunderland, MA