



VARIABILIDAD GENÉTICA DE *Aedes aegypti* DETERMINADA MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES, EN DOS ÁREAS ENDÉMICAS PARA DENGUE EN EL PARAGUAY

Céspedes, Emanuel E; Britez, Sady C; Ferreira, María C; González, Cinthya C; Acosta Nidia G; López, Elsa D; González, Nilsa E.

Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud – Universidad Nacional de Asunción (IICS-UNA).

Asunción – Paraguay.

e-mail: grbitez.nilsa@gmail.com

Introducción

Aedes aegypti

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

Relevancia del estudio de variabilidad genética

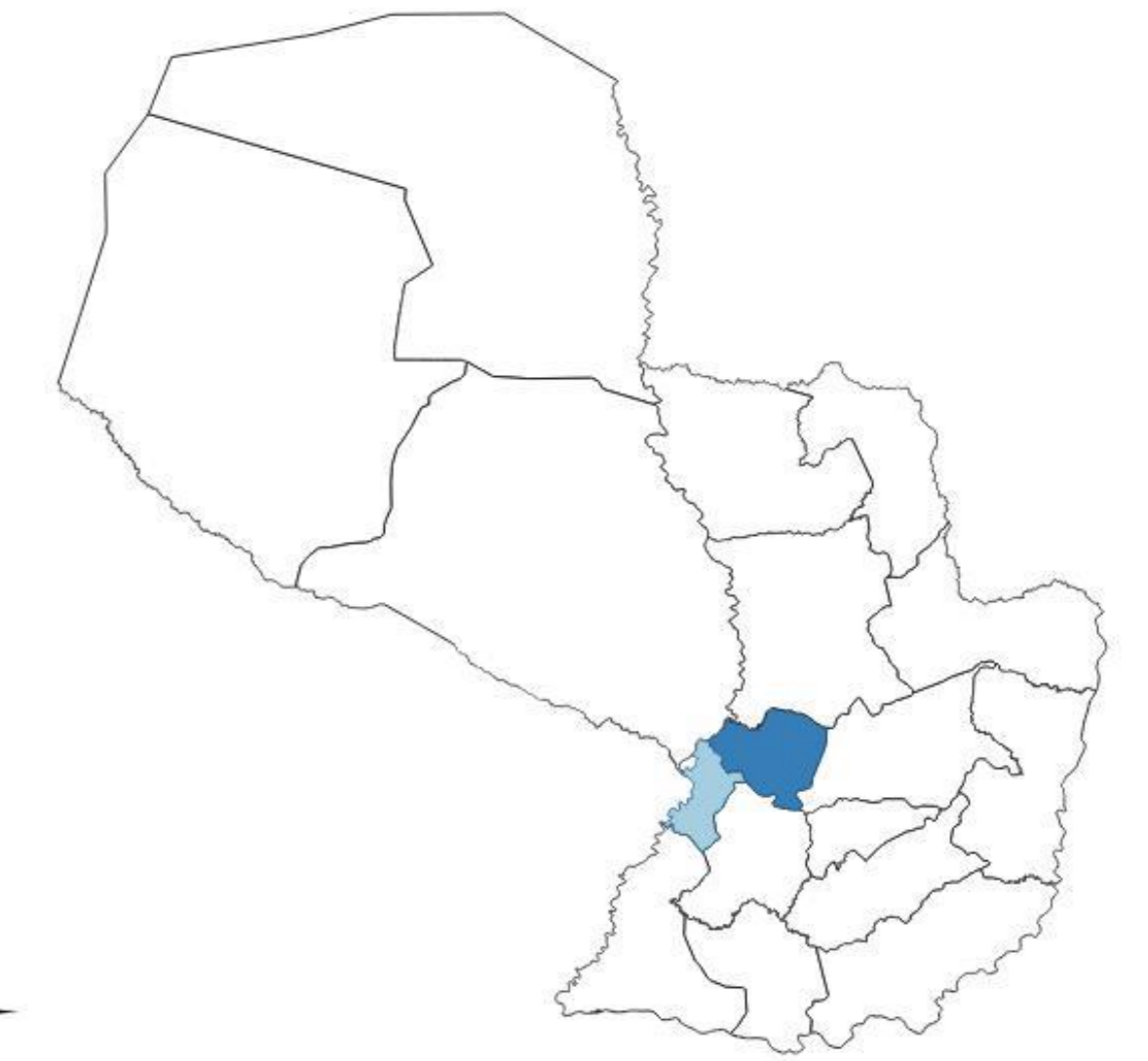
Comprender la historia evolutiva, la epidemiología de la enfermedad, diseño y mejoramiento de estrategias de control vectorial para áreas endémicas de arbovirosis (2).

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

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

Objetivo

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



Dpto. Central
Dpto. Cordillera

Materiales y Métodos

1. Captura y mantenimiento de mosquitos identificados



2. Extracción de DNA



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

3. Cuantificación de DNA



4. PCR convencional



5. Electroforesis en gel de agarosa y visualización



6. Análisis de resultados

PCR-RFLP:
Comparación de patrones de bandas.

RAPD:
Estimadores poblacionales
POPGENE

ISSR:
Varianza de frecuencias alélicas
ARLEQUIN



PCR-RFLP/ITS2 - Sac II

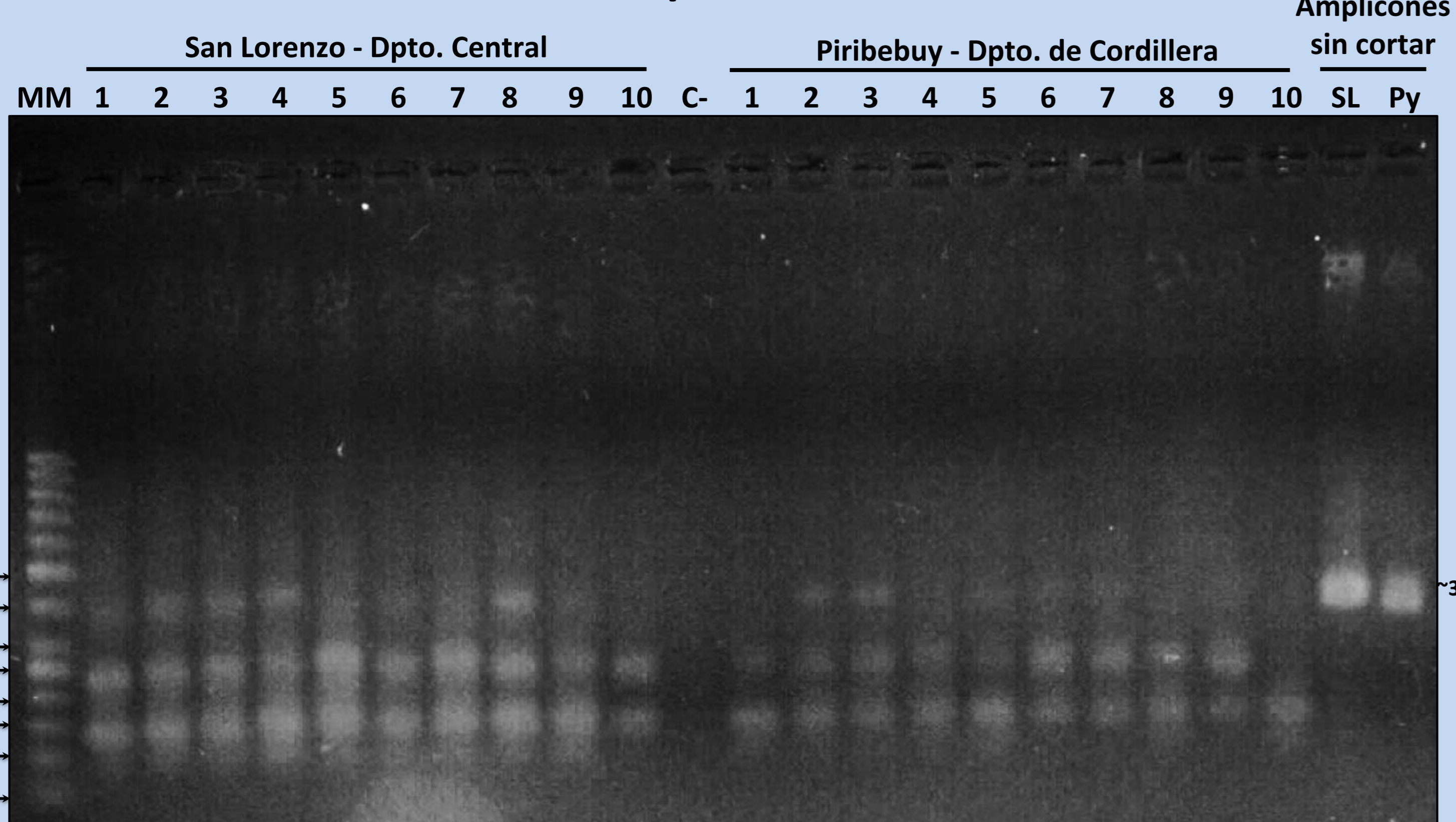


Figura 1. Perfil de bandas obtenidos mediante restricción de amplicones ITS2 con Sac II.

RAPD-PCR

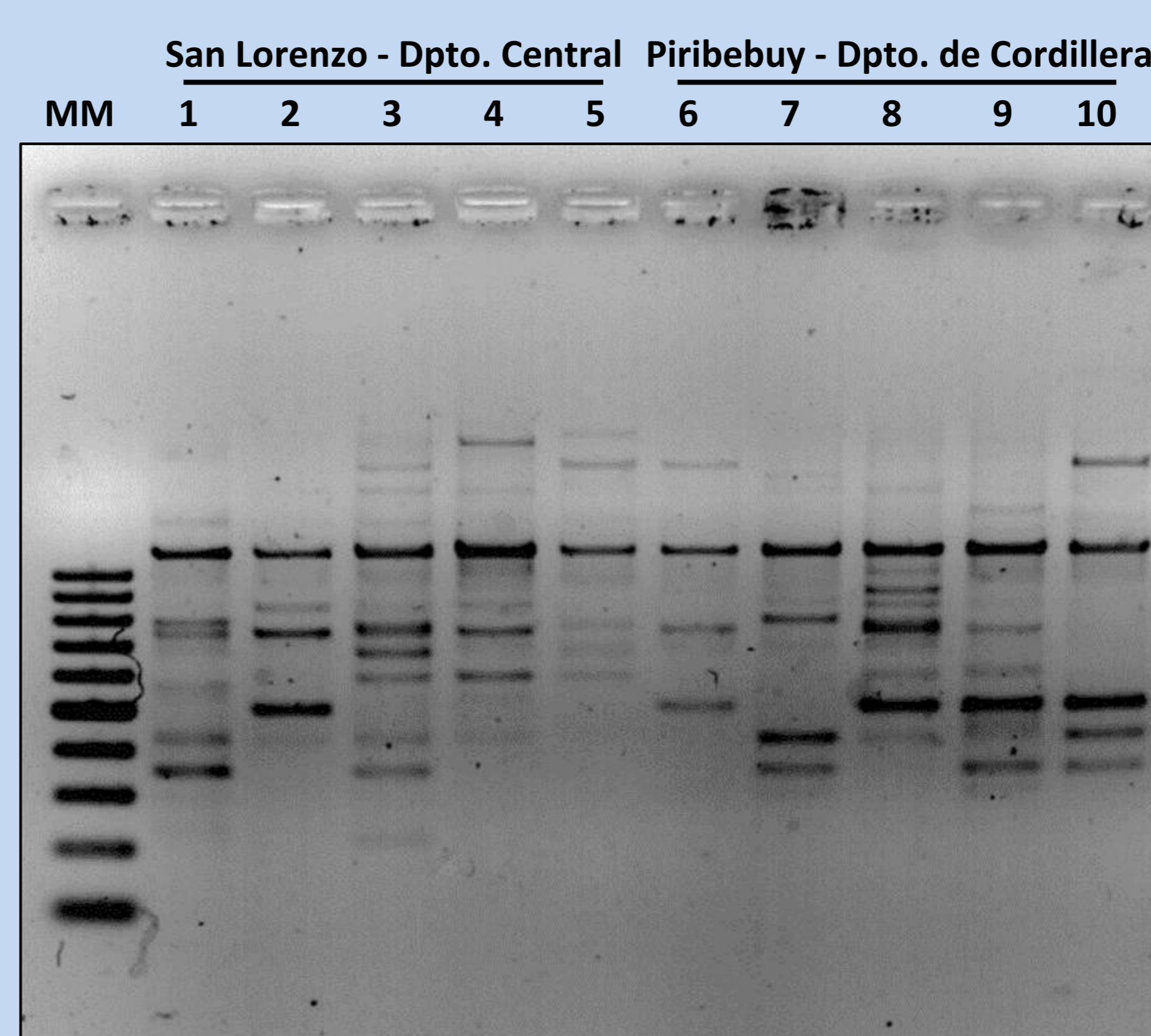


Figura 2. Perfil de bandas obtenidos con el cebador H3. Fragmentos comunes de 1200 y 750 pb. aprox.

ISSR-PCR

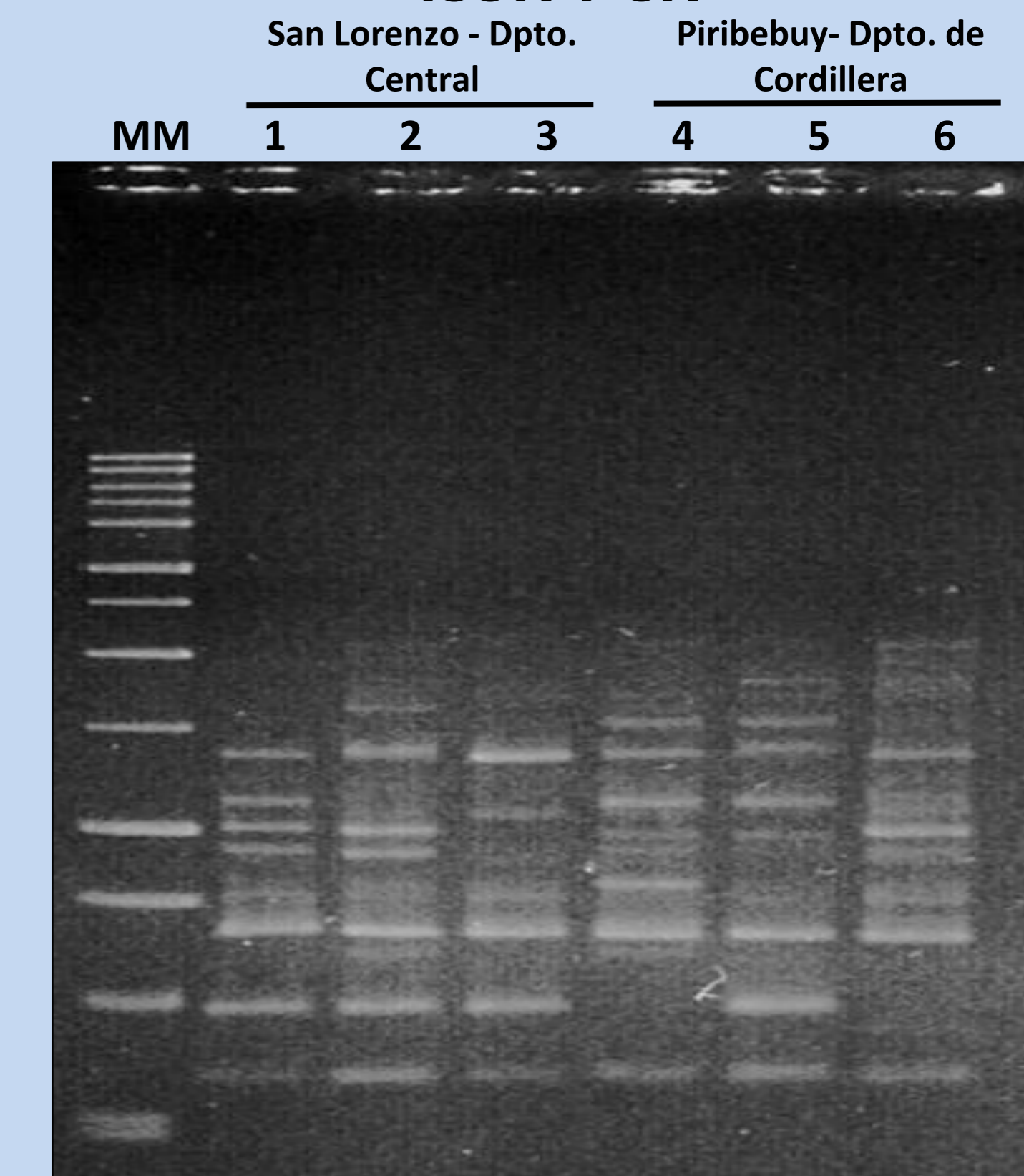


Figura 3. Perfil de bandas obtenidas con el cebador ISSR-7

Discusión

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 interpopulacionales. 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). La varianza de frecuencias alélicas con el cebador ISSR-7 atribuye 4,3 % de diferencias entre las poblaciones estudiadas y un índice de fijación de 0,0432.

Conclusiones

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-SacII), RAPD (H3 y A2) e ISSR (ISSR-7).

¡Baja diferenciación genética interespecífica!

Referencias bibliográficas

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



