

# XVIII Simposio Internacional Sobre Enfermedades Desatendidas

## Estructura genética de machos y hembras de *Triatoma infestans* en el Chaco argentino

Romina V. Piccinali, M. Sol Gaspe, Ricardo E. Gürtler

Laboratorio de Eco-Epidemiología. Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. IEGEBA, CONICET.

Contacto: rpicci@ege.fcen.uba.ar

**Introducción:** El estudio de la estructura genética de *Triatoma infestans* es una excelente herramienta para delimitar poblaciones, analizar su distribución espacial y comprender los procesos de migración. Esta información es muy importante para estudiar la reinfestación de las casas tras los rociados masivos con insecticidas e implementar mejores estrategias de control vectorial. Esta estructura genética podría ser diferente en machos y en hembras, los cuales, según estudios previos, diferirían en su capacidad dispersiva. El objetivo de este trabajo es investigar si existen diferencias en los patrones de estructura genética en machos y hembras colectados en parajes rurales que no fueron masivamente rociados con insecticidas durante 12 años.

### Materiales y métodos:

**Insectos:** 97 machos y 90 hembras de *T. infestans* de 8 sitios domésticos o peridomésticos de parajes rurales cercanos a la localidad de Pampa del Indio, Chaco.

**Marcadores genéticos:** genotipos de 10 loci microsatélites.

**Análisis de datos:** se analizó la estructura genética mediante estadísticos  $F_{ST}$  y su representación en un árbol de neighbor-joining (NJ) para cada sexo, prueba de Mantel entre distancias genéticas y geográficas y análisis discriminante de componentes principales (DAPC).

	CT9	CT26	LUG49	10M41	3L27	CV4	FB6	CHU3
CT9	0,000	0,217	0,150	0,116	0,243	0,164	0,168	0,030
CT26	0,144	0,000	0,135	0,007	0,261	0,066	0,040	0,135
LUG49	0,126	0,168	0,000	0,129	0,262	0,096	0,167	0,098
10M41	0,052	0,073	0,084	0,005	0,224	0,048	0,010	0,064
3L27	0,197	0,268	0,257	0,191	0,0125	0,218	0,243	0,219
CV4	0,128	0,111	0,042	0,041	0,220	0,002	0,092	0,061
FB6	0,071	0,084	0,099	0,023	0,124	0,077	0,013	0,116
CHU3	0,031	0,103	0,099	0,055	0,224	0,119	0,071	0,000

Tabla 1.  $F_{ST}$  de a pares de sitios. Arriba de la diagonal: machos. Debajo de la diagonal: hembras. Sobre la diagonal: machos y hembras de una misma sitio. Valores sombreados:  $p < 0,02$  (corrección de Bonferroni). CT: Campo Los Toros. LUG: Santos Lugares. CV: Los Ciervos. FB: Fortín Brown. 10M: 10 de Mayo. 3L: Tres Lagunas. CHU: Las Chuñas. Los números corresponden a la vivienda.

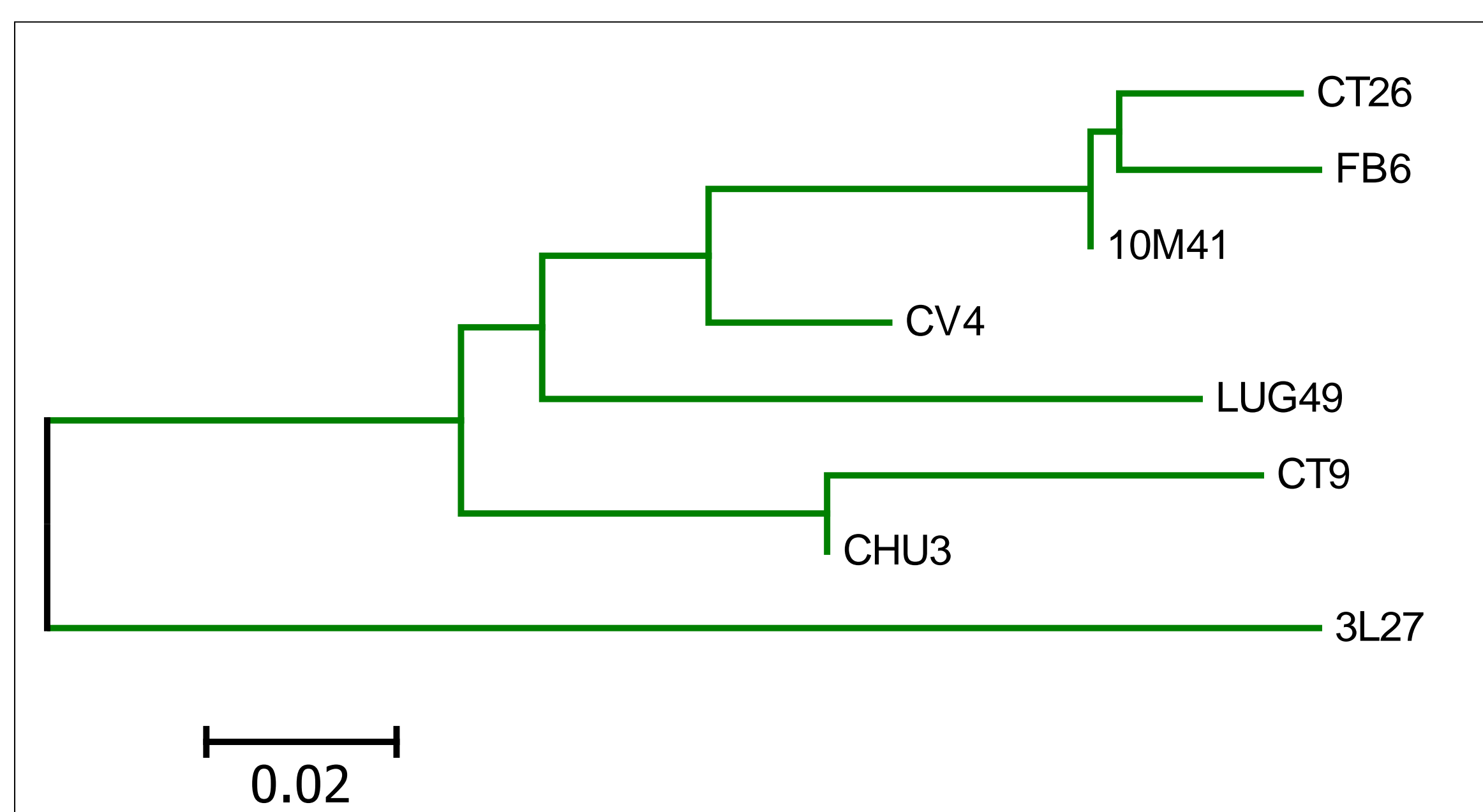


Figura 1. Árboles de NJ basados en  $F_{ST}$  de a pares. Izquierda: machos. Derecha: hembras.

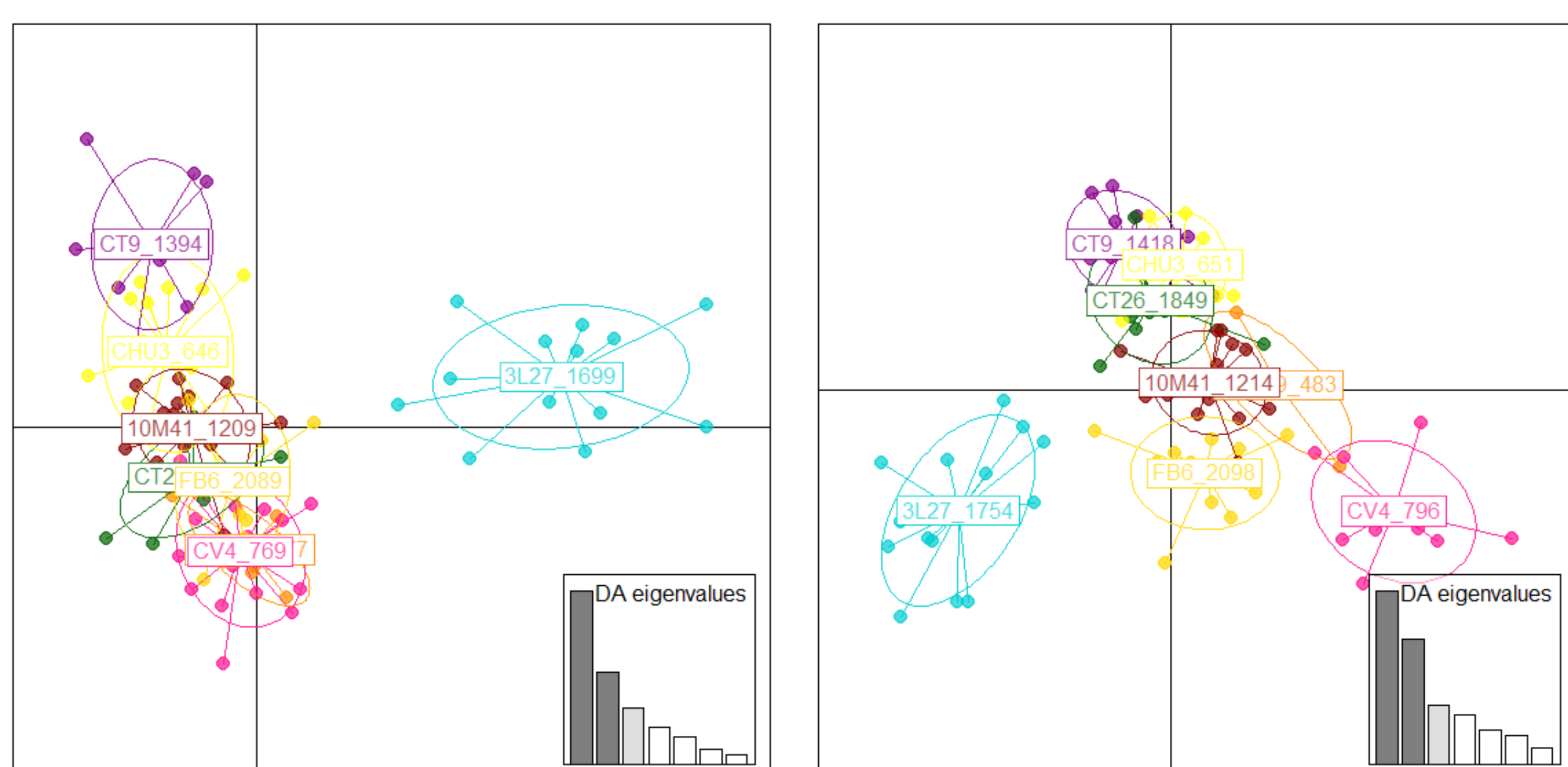
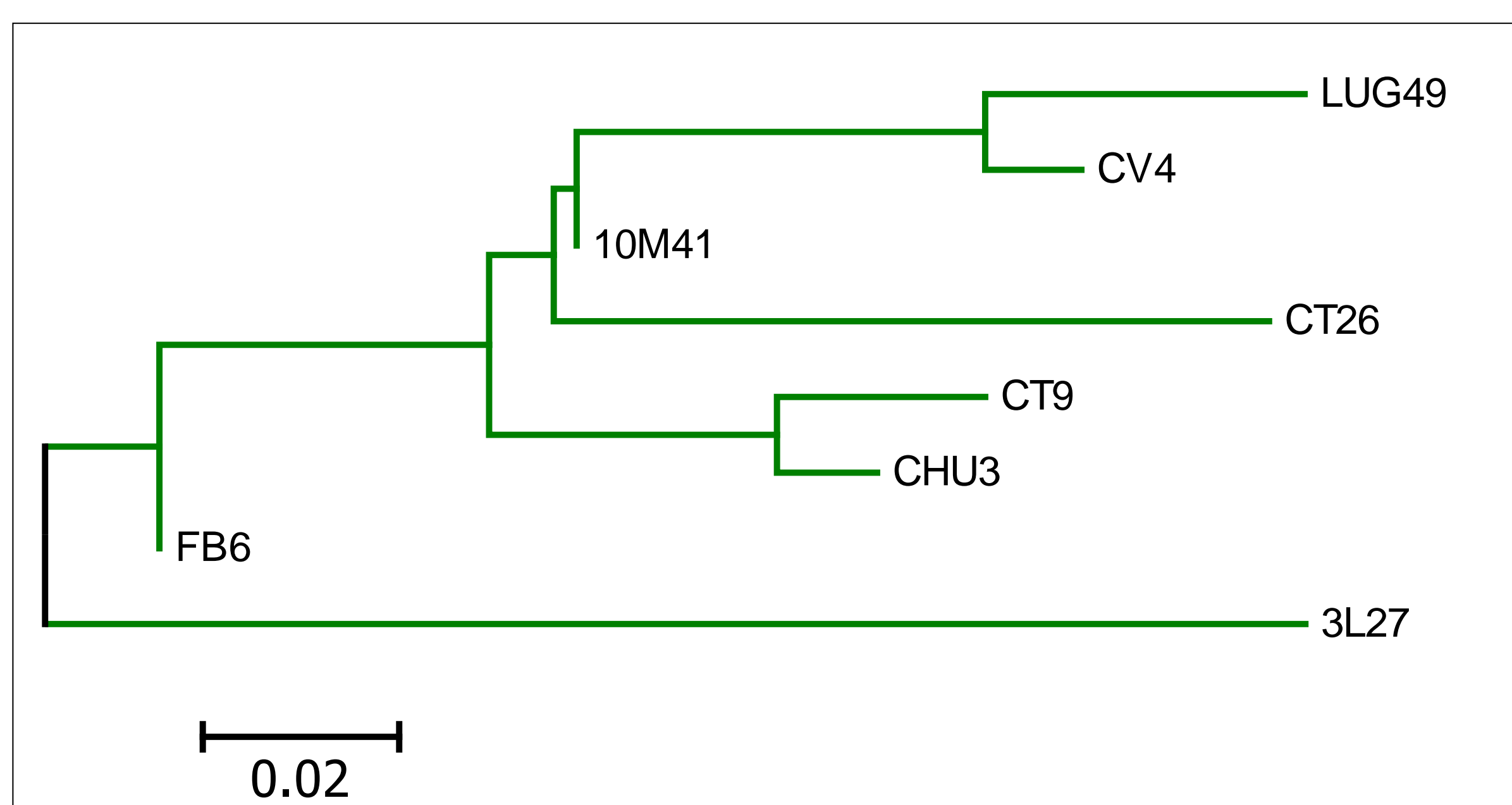


Figura 2. DAPC. Cada color representa una población y cada punto un individuo. Se grafican las dos primeras funciones discriminantes. Izquierda: machos. Derecha: hembras.

**Resultados:** El 75% de los  $F_{ST}$  de a pares en hembras y el 88% en machos resultaron significativos, aunque con valores muy variables (Tabla 1). Las diferencias entre sexos dentro de un sitio fueron siempre no significativas. La estructura general del árbol de NJ fue similar para ambos sexos (Fig. 1). La población del paraje Tres Lagunas (3L27) resultó la más diferenciada. Las Chuñas 3 (CHU3) y Campo Los Toros 9 (CT9) formaron siempre un grupo. El resto de las poblaciones se ubicó en un grupo diferente y con un patrón variable dentro del mismo. El DAPC para los machos dio un patrón concordante con los  $F_{ST}$ s, pero para las hembras una mayor diferenciación en algunas poblaciones adicionales (Fig. 2). La prueba de Mantel fue significativa solo para las hembras ( $r=0,30$ ,  $p=0,03$ ).

**Discusión:** Los resultados de los DAPC, al igual que la prueba de Mantel, sugieren una mayor estructura genética en hembras y que los machos serían el sexo que dispersa más, teniendo por lo tanto un mayor rol en la reinfestación. Sin embargo los valores de  $F_{ST}$  y los árboles de NJ son similares entre sexos y no apoyan esta hipótesis. Se requiere la incorporación de más sitios e individuos y nuevos análisis para corroborar la presencia de un patrón de estructura genética diferencial entre sexos.