

DIVERSIFICACIÓN GENÉTICA EN POBLACIONES DE *Panstrongylus geniculatus* (Latreille, 1811) (REDUVIIDAE: TRIATOMINAE) DE COLOMBIA Y VENEZUELA

Juan Carlos Londoño Alvarez

Trabajo de Investigación como requisito para optar el título de Maestre

Tutores

PhD. Lisandro Alfonso Pacheco Lugo
MSc. Alveiro Pérez Doria

Antecedentes: *Panstrongylus geniculatus* es un insecto perteneciente a la subfamilia Triatominae, insectos hematófagos estrictos, vectores biológicos del *Trypanosoma cruzi*, agente etiológico de la enfermedad de Chagas (EHc). *P. geniculatus* es considerado un vector secundario en la epidemiología de la EHc, sin embargo, ha sido incriminados en brotes de la enfermedad en el centro-norte de Venezuela y es el principal triatomo hallado al interior y peridomicilio de las viviendas del Distrito Metropolitano de Caracas en Venezuela. Los estudios sobre esta especie se han enfocado en aspectos como su biología, comportamiento y rol en la epidemiología de la EHc, siendo poco los estudios dirigidos a conocer la genética poblacional de la especie y las relaciones filogenéticas a nivel poblacional de *P. geniculatus*. Estudios sobre la diversificación genética de *P. geniculatus*, como el que se presenta en este trabajo de investigación, constituyen la base para realizar aproximaciones sobre la resistencia a insecticidas, adaptación a diferentes microhábitats, potencial de colonización de viviendas, preferencias alimenticias y capacidad vectorial entre otros aspectos relacionados con la importancia de esta especie en la epidemiología de la EHc en el norte de Suramérica.

Objetivos: Determinar la diversificación genética en poblaciones de *Panstrongylus geniculatus* de Colombia y Venezuela.

Materiales y Métodos: se analizaron 202 secuencias del gen Cyt-b de *P. geniculatus* de Colombia y Venezuela, a fin de calcular índices de diversidad genética, de estructura y flujo génico, evaluar hipótesis de evolución neutral y realizar inferencias filogenéticas.

Resultados: el conglomerado de *P. geniculatus* de Venezuela, presentó una diversidad haplotípica inferior ($H_d = 0,73$) respecto al de Colombia (0,93). Los pares de poblaciones Casanare-Leticia, Sucre-Santanderes y Libertador-La Guaira no presentaron estructuración genética ($F_{ST} = 0,05$ y $N_m > 1$). Se registraron

desviaciones de la hipótesis de evolución neutral en las poblaciones del Meta en Colombia ($D^* = 1,44347$) y La Guaira en Venezuela ($D = -1,67405$; $D^* = 1,82716$). El análisis filogenético mostró tres grandes clados, uno exclusivo para Colombia, uno para Venezuela y uno mixto, la red de haplotipos permitió observar cuatro haplogrupos principales.

Conclusiones: El haplotipo ancestral de las poblaciones de *P. geniculatus* pudo estar distribuido en un corredor conformado por los departamentos de Sucre, Bolívar y Santander en Colombia.

Palabras clave: *P. geniculatus*, diversidad genética, estructura poblacional, filogenia, filogeografía, Colombia, Venezuela.

ABSTRACT

Background: *Panstrongylus geniculatus* is an insect belonging to the subfamily Triatominae, strict hematophagous insects, biological vectors of *Trypanosoma cruzi*, etiological agent of Chagas disease (Chd). *P. geniculatus* is considered a secondary vector in the epidemiology of Chagas disease, however, it has been incriminated in Chd outbreaks in the central-northern of Venezuela and is the main triatomine bug found in the interior and peridomicile of dwellings in the Metropolitan District of Caracas in Venezuela. Studies on this species have focused on aspects such as its biology, behavior and role in the epidemiology of Chd, with few studies aimed at understanding the population genetics of the species and the phylogenetic relationships at the population level of *P. geniculatus*. Studies on the genetic diversification of *P. geniculatus*, such as the one presented in this research work, constitute the basis for approximations on insecticide resistance, adaptation to different microhabitats, housing colonization potential, food preferences and vectorial capacity, among other aspects related to the importance of this species in the epidemiology of Chd in northern South America.

Objective: To determine genetic diversification in of *Panstrongylus geniculatus* populations from Colombia and Venezuela.

Methodology: 202 Cyt-b gene sequences of *P. geniculatus* from Colombia and Venezuela were analyzed in order to calculate genetic diversity, structure and gene flow indexes, make hypotheses of neutral evolution test and make phylogenetic inferences.

Results: The *P. geniculatus* cluster from Venezuela had a lower haplotypic diversity ($H_d = 0.73$) than Colombia cluster (0.93). The Casanare-Leticia, Sucre-Santanderes and Libertador-La Guaira population pairs did not show genetic structuring ($F_{ST} 0.05$ and $N_m > 1$). Deviations from the hypothesis of neutral evolution were recorded in the populations of Meta in Colombia ($D^* = 1.44347$) and La Guaira in Venezuela ($D = -1.67405$; $D^* = 1.82716$). Phylogenetic analysis showed three major clades, one exclusive for Colombia, one for Venezuela and one mixed, the haplotype network allowed observing four major haplogroups.

Conclusions: The ancestral haplotype of *P. geniculatus* populations could be distributed in a corridor conformed by the departments of Sucre, Bolívar and Santander in Colombia.

Key words: *P. geniculatus*, genetic diversity, population structure, phylogeny, phylogeography, Colombia, Venezuela.

REFERENCIAS

1. Zingales B, Miles MA, Campbell DA, Tibayrenc M, Macedo AM, Teixeira MMG, et al. The revised *Trypanosoma cruzi* subspecific nomenclature: Rationale, epidemiological relevance and research applications. *Infect Genet Evol* [Internet]. 2012;12(2):240–53. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/j.meegid.2011.12.009>
2. Reyes-Lugo M. *Panstrongylus geniculatus* Latreille 1811 (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae), vector de la enfermedad de Chagas en el ambiente domiciliario del centro-norte de Venezuela. *Rev Biomed*. 2009;20(3):180–205. <http://www.revbiomed.uady.mx/pdf/rb092034.pdf>
3. Carrasco J, Torrellas A, Garcí C, Segovia M, Feliciangeli MD. Risk of *Trypanosoma cruzi* I (Kinetoplastida: Trypanosomatidae) transmission by *Panstrongylus geniculatus* (Hemiptera: Reduviidae) in Caracas (Metropolitan District) and neighboring States, Venezuela. *Int J Parasitol*. 2005;1–6. [10.1016 / j.ijpara.2005.05.003](http://dx.doi.org/10.1016/j.ijpara.2005.05.003)
4. Nakad Bechara CC, Londoño JC, Segovia M, Leon Sanchez MA, Martínez P CE, Rodríguez R MM, et al. Infection, Genetics and Evolution Genetic variability of *Panstrongylus geniculatus* (Reduviidae: Triatominae) in the Metropolitan District of Caracas, Venezuela. *Infect Genet Evol*. 2018;66(June):236–44. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.09.011>
5. Caicedo-Garzón V, Salgado-Roa FC, Sánchez-Herrera M, Hernández C, Arias-Giraldo LM, García L, et al. Genetic diversification of *Panstrongylus geniculatus* (Reduviidae: Triatominae) in northern South America. *PLoS One*. 2019;14(10):1–18. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223963>