

CARACTERIZACIÓN DE *Ceratitis capitata* DE DIFERENTES ZONAS FRUTICOLAS DE LA ARGENTINA A TRAVES DE MARCADORES MOLECULARES

MARÍA GABRIELA PACHECO

Resumen de la Tesis de Magister Scientiae defendida el 20 de noviembre de 2000

Las especies de insectos que han invadido recientemente nuevas regiones en asociación con el hombre, generalmente poseen una reducida diversidad genética. Un ejemplo de éstas es la Mosca del Mediterráneo (*Ceratitis capitata* Wiedemann; Diptera: Tephritidae), una de las plagas más importantes de los cultivos frutihortícolas, con amplia distribución mundial. La identificación de variabilidad genética para la caracterización de sus poblaciones, constituye una información básica que contribuye al conocimiento de la dinámica poblacional de la especie y, desde un punto de vista aplicado, al correcto funcionamiento de las acciones conducidas por los programas de control y erradicación. Con el fin de hallar variantes moleculares, útiles para diferenciar a las poblaciones argentinas de *C. capitata*, se analizó la aptitud de tres marcadores moleculares: RAPDs (Random Amplified Polymorphic DNAs), RFLPs (Restriction Fragment Length Polymorphisms) de fragmentos del genoma mitocondrial y secuencias nucleotídicas del Intrón I del gen Cu/Zn superóxido dismutasa (*Sod*). Los RAPDs fueron estudiados desarrollando una estrategia que involucró inicialmente una selección de *primers* en ADNs extraídos de grupos de insectos; esto tuvo como objetivo la identificación de polimorfismos potencialmente informativos de variantes para el posterior análisis en escala individual. Once *primers* de los 17 seleccionados a partir de 190, fueron ensayados en 87 individuos provenientes de nueve poblaciones silvestres. Los 99 fragmentos variantes detectados, permitieron agrupar la mayor parte de los individuos en sus poblaciones de origen. Mediante RFLPs de fragmentos mitocondriales, y en los mismos individuos estudiados por RAPDs, se identificaron tres haplotipos: AAB, AAC y BBB; el primero no fue registrado entre los tipos descritos previamente para las poblaciones argentinas. Los tres haplotipos mitocondriales identificados se hallaron en frecuencias variables en todas las poblaciones analizadas, y presentaron un patrón latitudinal que mostró preponderancia del haplotipo BBB en el Norte de la Argentina, y del AAC hacia el Sur. A diferencia de los RAPDs, los marcadores mitocondriales mostraron utilidad para la diferenciación en un nivel macrogeográfico (entre regiones). Las secuencias del Intrón I del gen *Sod* fueron obtenidas a partir de 56 individuos silvestres tomando, en promedio, 6 individuos al azar de cada una de las 9 poblaciones silvestres analizadas con RAPDs y RFLP. Fueron identificados 14 alelos a partir de 17 sitios variantes, distribuidos en los 360 pares de bases analizados; uno de ellos, el alelo A1, resultó el más frecuente en todas las poblaciones, sugiriendo que representaría un alelo ancestral, y que las restantes variantes alélicas habrían derivado de él. Las secuencias intrónicas no resultaron informativas para la diferenciación entre poblaciones, como así tampoco entre regiones. Los análisis de estructura genética para los tres marcadores, demostraron que la mayor variabilidad se presenta dentro de poblaciones; paralelamente, los RAPDs y los RFLP de fragmentos mitocondriales, presentaron niveles de variabilidad significativos entre poblaciones y entre regiones, respectivamente. Los resultados obtenidos con estos dos marcadores sugirieron además que en la Argentina se produjeron al menos dos eventos de colonización en distintas regiones. El grado de heterogeneidad genética encontrada con los tres marcadores, indican la existencia de flujo génico entre las poblaciones argentinas; las consecuencias de este proceso se traducen en una reducción de la variabilidad entre poblaciones, dificultando la detección de marcadores específicos. La aplicación combinada de diferentes marcadores moleculares, se presentaría como la alternativa más eficiente para la asignación de individuos de *C. capitata* de la Argentina, a su población de origen.