

I. INTRODUCCIÓN

Anopheles albimanus está ampliamente distribuido en América y es uno de los principales mosquitos vectores de malaria en la región de América Central. En Guatemala la malaria es una enfermedad endémica cuya intensidad de transmisión varía considerablemente entre un área geográfica y otra. En general, muchos de los sitios de crianza de los mosquitos vectores están localizados en áreas de producción agrícola, en donde el uso indiscriminado de insecticida ha provocado que *Anopheles albimanus* desarrolle múltiples mecanismos de resistencia (Padilla, 1997).

Debido al desarrollo de esta resistencia, se ha sugerido la introducción de genes refractarios como posible método alternativo para el control de la malaria. Este método afecta directamente la transmisión del parásito responsable de la enfermedad en poblaciones naturales de mosquitos. Sin embargo, el éxito de un programa de modificación genética de este tipo requiere la identificación de genes apropiados para su introducción en poblaciones naturales y un conocimiento adecuado de la estructura genética de la población en cuestión. Lo anterior con el fin de poder determinar qué tan lejos y qué tan rápido se van a propagar estos genes (Kamau et al., 1998).

El uso de marcadores genéticos moleculares provee información acerca de la estructura genética de una población y naturaleza de la variación genética de numerosos vectores. Entre los marcadores moleculares más utilizados para el estudio de la estructura amplificado al azar (RAPD, por sus siglas en inglés). Muchos autores han reportado limitaciones de este método, entre las cuales las más importantes son la baja reproducibilidad y confiabilidad de los resultados (Queller et al., 1993). Por otro lado, se ha documentado ampliamente la aplicabilidad del análisis de secuencias microsátélites, para identificar relaciones en poblaciones naturales, ya que son marcadores que se heredan de forma mendeliana, son neutrales y codominantes (Jarne and Lagoda, 1996; Lanzaro et al., 1995). Para realizar estudios de genética de poblaciones, se requiere el análisis de varios loci del genoma del organismo en cuestión. Se ha identificado que los más útiles son los loci de origen nuclear, como los microsátélites (Rivera et al., 2003)

Se pretende determinar el nivel de variabilidad genética de siete secuencias microsátélites en poblaciones naturales de *Anopheles albimanus* de Guatemala, a través de un análisis automatizado utilizando el equipo de electroforesis capilar 3100 (Applied Biosystems, CA). Adicionalmente, se evaluarán cuatro secuencias microsátélites, caracterizadas anteriormente a través de geles de secuenciación de poliacrilamida (Schoua, 2000; Mills, 2001), utilizando también el método automatizado. Los resultados de este estudio son importantes porque contribuirán a un mejor conocimiento de la estructura poblacional de dicho vector, como etapa previa a la posible implementación de medidas de control como la modificación genética del mismo.