



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Facultad de Ciencias Biológicas

Escuela Profesional de Ciencias Biológicas

**Diversidad genética y estructura poblacional de
Leishmania (Viannia) braziliensis mediante el uso de
marcadores microsatélites en la selva peruana**

TESIS

Para optar el Título Profesional de Bióloga con mención en
Zoología

AUTOR

Ivonne Melissa RAMÍREZ BACA

ASESOR

Rina RAMIREZ MESIAS

Lima, Perú

2017

RESUMEN

El parásito protozoario *Leishmania (Viannia) braziliensis* es el principal agente causal de la leishmaniasis cutánea y mucocutánea en el Perú, considerada una de las enfermedades tropicales más desatendidas en el mundo, capaz de producir úlceras cutáneas que pueden llegar a invadir y destruir las membranas mucosas de la nariz, boca y garganta. Sin embargo, se cuenta con pocos estudios sobre la genética poblacional de este parásito en la selva peruana. Por consiguiente, se ha determinado la diversidad genética y la estructura poblacional de 85 aislamientos de *L. (V.) braziliensis* provenientes de la amazonia peruana mediante la estandarización de diez marcadores microsatélites previamente reportados. La población total presentó una alta diversidad alélica y genética, siendo la ecorregión de selva baja la de mayor diversidad con respecto a selva alta. Los diversos análisis lograron revelar la existencia de dos grupos genéticos bien establecidos independientes de su distribución geográfica, presentes como población mixta en selva alta y población uniforme en selva baja. Además, se estimó que la población de *L. (V.) braziliensis* presentó como estrategia reproductiva posibles eventos de clonalidad y recombinación genética junto a un modo endogámico de reproducción atribuido al aparente déficit de heterocigotos presentados. Esto podría explicar la gran plasticidad de *L. (V.) braziliensis* para adaptarse a los diferentes escenarios ecológicos dentro de la amazonia peruana. Asimismo, es necesario contar con nuevos estudios que contribuyan a entender la dinámica poblacional del parásito a fin de reducir la transmisión de la enfermedad.

Palabras claves: *Leishmania (Viannia) braziliensis*, marcadores microsatélites, diversidad genética, estructura poblacional, recombinación.

ABSTRACT

The protozoan parasite *Leishmania (Viannia) braziliensis* is the main causal agent of cutaneous and mucocutaneous leishmaniasis in Peru, which is considered one of the most neglected tropical diseases in the world. It is capable of producing cutaneous ulcers that can invade and destroy mucous membranes of nose, mouth and throat. However, there are few population genetics studies of this parasite in the Peruvian jungle. Therefore, we determined genetic diversity and population structure of 85 isolates of *L. (V.) braziliensis* from the Peruvian Amazon, through standardization of ten previously reported microsatellite markers. Results for all populations showed high allelic and genetic diversity, being the low forest eco-region of greater diversity than the high forest eco-region. Several analyses were able to reveal the existence of two well-established genetic groups that are independent of their geographical distribution, and presented as mixed population in high forest and uniform population in low forest. It has also been hypothesized that populations of *L. (V.) braziliensis* had as a possible reproductive strategy, events of clonality and genetic recombination that together with an inbreeding mode of reproduction, is the cause of an apparent heterozygote deficit. This could explain the great plasticity of *L. (V.) braziliensis* to adapt to different ecological scenarios of the Peruvian Amazon. New studies that contribute to understand population dynamics of the parasite are required, in order to reduce the transmission of the disease.

Keywords: *Leishmania (Viannia) braziliensis*, microsatellite markers, genetic diversity, population structure, recombination.