

Variabilidad genética de seis poblaciones de *Aedes aegypti* de Medellín (Antioquia), Colombia

Jorge Mario Cadavid¹, Winston Rojas²

¹ Estudiante de Maestría Ciencias Básicas Biomédica

² Profesor, Grupo GEnMol, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

Financiación: Este proyecto es financiado por el Grupo de Entomología Médica de la Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

La dispersión de una población de mosquitos implica el movimiento de sus individuos, así también su reproducción en un sitio diferente al de su origen. Si el transporte pasivo influye en la dispersión de *Aedes aegypti*, puede estar haciéndolo a través de diferentes estados de desarrollo y en forma uni o bidireccional entre dos sitios. Conocer la variación genética intra e inter poblacional en esta especie permite entender la dinámica de dispersión de sus poblaciones y el impacto sobre la epidemiología de la enfermedad que transmite. Esta variabilidad puede ser a escala micro y macrogeográfica para evaluar la estructura genética y el flujo génico, información que es interpretada en términos de la distancia, dirección y tasa de dispersión. Con este trabajo se propuso comparar la variación genética intra e inter grupal por medio de secuencias que codifican para el gen COI mitocondrial (**COI mtDNA**) entre subpoblaciones microgeográficas de *Ae. aegypti* de la ciudad de Medellín (Antioquia), Colombia: Belén Rincón (n = 12), Caicedo (n = 30), El Poblado (n = 16), El Velódromo (n = 35), Santa Cruz (n = 19), Tejero (n = 16) y una muestra de Urabá (n = 46). En una región COI mtDNA de 902 pb se definieron 26 haplotipos; tres haplotipos de alta frecuencia (73% del total) y dispersos en todos los grupos sugieren alto flujo génico entre las subpoblaciones. Una alta diferenciación entre haplotipos (12,9 diferencias $\pm$ 65,8) sumada a la coexistencia de tres haplogrupos divergentes en simpatria sugiere un área de contacto secundario entre poblaciones previamente divergentes.

Estandarización y validación de una PCR multiplex para el diagnóstico de *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydia pneumoniae* y *Legionella pneumophila* en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad (NAC) que requiere hospitalización

Mariana Herrera-Díaz^{1,3}, Yudy Aguilar-Pérez¹, Zulma Rueda-Vallejo¹, Lázaro A Vélez-G^{1,2}

¹ Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas (GRIPE), Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

² Sesión de Enfermedades Infecciosas, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

³ Correo electrónico: <marianah8@hotmail.com>.

Financiación: Fundación Rodrigo Arroyave y Fundación Investigando en Salud y Enfermedades Infecciosas.