

Director/a: LAVORE, Andrés

Co-Director/a: RIVERA POMAR, Rolando

Título del Trabajo Final: “Identificación y análisis funcional del gen Hunchback de *Rhodnius prolixus*, un insecto de banda germinal intermedia, vector de la enfermedad de Chagas.”

Tesista: ROLANDELLI, Agustín

Resumen: Aunque el modelo corporal de insectos culmina siempre en la formación del mismo patrón (cabeza, tórax y abdomen), el desarrollo embrionario que lleva a este estado final es muy variable. En los insectos de banda germinal larga (por ejemplo *Drosophila melanogaster*, la mosca de la fruta) todos los segmentos son definidos simultáneamente durante el estadio de blastodermo (antes de gastrulación) en un entorno sincicial. En los insectos de banda germinal corta (por ejemplo *Locusta migratoria*, la langosta del desierto) solo los segmentos anteriores son especificados en el entorno sincicial del blastodermo, mientras que los segmentos posteriores aparecen más tarde en la embriogénesis durante la fase de alargamiento del embrión. Con características intermedias entre ambos tipos de desarrollo se encuentran los insectos de banda germinal intermedia (como el caso de *Rhodnius prolixus*, la vinchuca centroamericana), en los cuales el número de segmentos establecidos en el blastodermo es mayor que en los de banda germinal corta, pero menor que en los de banda germinal larga. Se considera a estos últimos dos tipos de embriogénesis como los menos evolucionados. Una de las grandes diferencias embriológicas entre la segmentación de banda germinal corta (e intermedia) y larga está en la delimitación temprana del blastodermo por patrones moleculares. Por esta razón, el estudio de expresión y función de los genes de desarrollo involucrados en la especificación temprana del eje antero-posterior de embriones es crucial para el entendimiento de dichas diferencias. Es así que para tener una idea más clara acerca de estas diferencias se identificó y estudió la función del ortólogo del gen gap Hunchback (Hb) en *R. prolixus* mediante la técnica de ARNi parental. En el genoma de *R. prolixus* se identificó un gen que codifica una proteína de 651 aminoácidos y que posee 8 dominios de unión al ADN de tipo zinc finger característicos de la familia de proteínas Hb. Los fenotipos generados por la disminución en la expresión del gen mostraron defectos en dos zonas: por un lado, compactación y pérdida de segmentos abdominales en la región posterior del embrión; y por el otro, en la región anterior, desaparición del primer segmento torácico, patas malformadas y ausencia de apéndices en los segmentos gnatales. Esto apoya la idea de que Hb actúa como un gen gap en este insecto. Mediante la comparación de los resultados obtenidos con los conocidos en otros insectos, se propone un papel ancestral de Hb en la especificación de segmentos gnatales y torácicos y en la correcta adición de segmentos abdominales a partir de la zona de crecimiento. Durante la transición evolutiva que generó a los insectos de banda germinal larga, la función de Hb en especificar los segmentos gnatales y torácicos parece conservarse, aunque adquiriría nuevos roles hacia anterior, abarcando los segmentos cefálicos más anteriores, y reduciría su requerimiento hacia posterior, delimitando solo los segmentos abdominales más posteriores.

Palabras claves: vinchuca, gen gap Hunchback, segmentos gnatales y torácicos

Año de la defensa: 2013