UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Population Genetics of Aedes aegypti in French Guiana for Future Wolbachia-infected Vector Control
Vincentius Vieri Tjhin, dr.Widya Wasityastuti, M.Sc., M.Med.Ed., Ph.D;Dr. Jean-Bernard Duchemin
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

Abstract (English)

Dengue fever poses a persistent public health burden in French Guiana, where *Aedes aegypti* populations have acquired multiple insecticide resistance mechanisms limiting the long-term efficacy of conventional vector control. *Wolbachia*-based biocontrol, particularly deployment of the wMel strain, offers a promising alternative by reducing vector competence through pathogen interference and driving population invasion via cytoplasmic incompatibility. However, the success of such program depends on understanding the genetic structure of local mosquito populations and the degree of compatibility between release strains and wild targets.

In this research, we characterize *Ae. aegypti* population genetics across six localities in French Guiana; Cayenne, Kourou, Matoury, Remire-Montjoly, Saint Laurent du Maroni and Saint Georges de l'Oyapock, using an integrative multi-marker approach combining two mitochondrial markers (COI and ND4) with genome-wide SNP genotyping via 2b-RAD sequencing. We also include four laboratory Wolbachia-carrying and Suriname strain for comparative analysis.

Mitochondrial analysis reveals low to moderate haplotype diversity across localities, with a shared dominant haplotype consistent with a post-eradication reinvasion scenario. The Cayenne-Kourou pair returned negative F_{ST} values under both COI and ND4, indicating panmictic relationship, while Saint Laurent du Maroni displayed the most consistent signal of demographic isolation. The 2b-RAD pairwise F_{ST} matrix confirmed low but geographically structure differentiation, with a strong isolation by distance relationship ($R^2 = 0.789$, $p = 0.006$) across approximately 300 km, suggesting dispersal is distance-limited rather than driven by long-range passive transport. Laboratory strain shows significant differentiation, however the backcrossed Cayenne *w*MelM showed COI haplotype proximity to the local wild-type network, providing a preliminary indicator of genetic compatibility through nuclear confirmation is required.

These results establish a baseline population genetic reference for *Ae. aegypti* in French Guiana and highlight key considerations such as spatial structure, marker choice, and strain target compatibility for the design of future *Wolbachia*-based vector control interventions in the territory.

Keywords: *Aedes aegypti*; *Wolbachia*; Population genetics; French Guiana;

Genome-wide

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Population Genetics of Aedes aegypti in French Guiana for Future Wolbachia-infected Vector Control
Vincentius Vieri Tjhin, dr.Widya Wasityastuti, M.Sc., M.Med.Ed., Ph.D;Dr. Jean-Bernard Duchemin
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

Abstrak (Indonesia)

Demam berdarah (*Dengue*) masih menjadi salah satu masalah utama kesehatan masyarakat di Guyana Prancis, dimana populasi dari nyamuk *Aedes aegypti* ditemukan memiliki beberapa mekanisme resistensi terhadap insektisida yang membatasi efektivitas jangka panjang dari pengendalian vektor konvensional. Biokontrol berbasis *Wolbachia*, khususnya dengan menggunakan galur *w*Mel, telah menawarkan alternatif yang menjanjikan dengan mengurangi kompetensi vektor melalui interferensi pathogen serta mendorong invasi populasi melalui inkompatibilitas sitoplasmik. Namun, keberhasilan pendekatan ini sangat bergantung pada pemahaman mengenai struktur genetik populasi nyamuk lokal dan tingkat kompatibilitas antara galur yang dilepas dengan target di lapangan.

Dalam penelitian ini, kami mengkarakterisasi genetika populasi dari *Ae. aegypti* di enam Lokasi di Guyana Prancis: Cayenne, Kourou, Matoury, Remire-Montjoly, Saint Laurent du Maroni, dan Saint Georges de l'Oyapock, menggunakan pendekatan multi-penanda terintegrasi dengan penanda mitokondria COI dan ND4, juga dengan genotipe *genome-wide SNP* melalui sekuensing menggunakan *2b-RAD*. Kami juga menyertakan empat galur laboratorium yang telah diinfeksi dengan *Wolbachia* dan galur dari Suriname untuk analisis komparatif.

Analisis mitokondria menghasilkan keanekaragaman haplotipe rendah hingga sedang di seluruh lokasi, dengan satu haplotype dominan yang terbagi bersama, konsisten dengan skenario reinvasi pasca-eradikasi. Cayenne-Kourou menghasilakan relasi F_{ST} yang negatif baik dengan COI dan ND4, mengindikasikan hubungan panmiktik. Matriks F_{ST} 2b-RAD mengkonfirmasi diferensiasi yang rendah, dengan hubungan isolasi berdasarkan jarak yang kuat ($R^2 = 0.789$; $p = 0.006$) dengan rentang jarak sekitar 300 km, menunjukan bahwa penyebaran dibatasi oleh jarak. Galur laboratorium menunjukan diferensiasi yang signifikan; meski demikian, galur *w*MelM Cayenne hasil *backcrossed* menunjukan kedekatan haplotype COI dengan jaringan tipe lokal, memberikan indikasi awal dari kompatibiltas genetik, meskipun konfirmasi *nuclear* masih diperlukan.

Seluruh hasil yang didapatkan menformulasikan acuan dasar genetika populasi untuk *Ae. aegypti* di Guyana Prancis, serta menyotroti pertimbangan – pertimbangan penting lainnya seperti struktur spasial, pemilihan marker genetik, dan kompatibilitas galur target untung perancangan intervensi pengendalian vektor berbasis *Wolbachia* di wilayah tersebut pada masa mendatang.

Kata kunci: *Aedes aegypti*; *Wolbachia*; Genetika populasi; Guyana Perancis; Genome-wide