

SAU-04

VARIABILIDADE E DIFERENCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE *Aedes aegypti* (DIPTERA: CULICIDAE) DA AMAZÔNIA BRASILEIRA.

André Felipe Monteiro Menezes¹; Joselita Maria Mendes dos Santos²; Juracy de Freitas Maia³

¹Bolsista PIBIC/CNPq; ² Orientador; ³ Co-orientador

Aedes (Stegomyia) aegypti é o principal vetor do vírus da febre amarela e dos quatro sorotipos do dengue, nas áreas tropicais e subtropicais, e apresenta ampla distribuição geográfica. Foram analisadas quatro populações de *A. aegypti*, com o objetivo de estimar a variabilidade e divergência genética intra e interpopulacional, utilizando RAPD, para compreender a dinâmica populacional e os possíveis mecanismos envolvidos na transmissão dessas arboviroses, e assim, subsidiar em campanhas de controle. As amostras foram obtidas em Manacapuru (AM), Manaus (AM), Bragança (PA) e Porto Velho (RO). Os mosquitos foram identificados conforme Consoli & Lourenço-de-Oliveira (1994), e mantidos em laboratório, segundo Santos *et al.* (1981). Na análise molecular utilizou os procedimentos de Wilkerson *et al.* (1995), para a extração, quantificação e amplificação do DNA. Foram utilizados dez “primers”: OPA03 (5'-AGTCAGCCAC-3'), OPA04 (5'-AATCGGGCTG-3'), OPA07 (5'-GAAACGGGTG-3'), OPA08 (5'-GTGACGTAGG-3'), OPA09 (5'-GGGTAACGCC-3'), OPA11 (5'-CATGCCCGT-3'), OPA14 (5'-TCTGTGCTGG-3'), OPA16 (5'-AGCCAGCGAA-3'), OPA18 (5'-AGGTGACCGT-3') e OPA20 (5'-GTTGCGATCC-3'). Os produtos amplificados foram corados com brometo de etídio (5ng/μl), em gel de agarose a 1,5%, e fotodocumentados. As análises estatísticas foram obtidas no Programa Tools for Population Genetics Analyses - TPGA (Miller, 1997). Os resultados da análise dos perfis de RAPD revelaram 108 bandas nas quatro populações, variando entre 300 e 2200 pb. A variabilidade genética observada nas quatro populações foi bastante elevada, com a percentagem de locos polimórficos de 97,22 a 98,14 e a heterozigosidade média observada de 0,4199 a 0,4420 (Tabela 1).

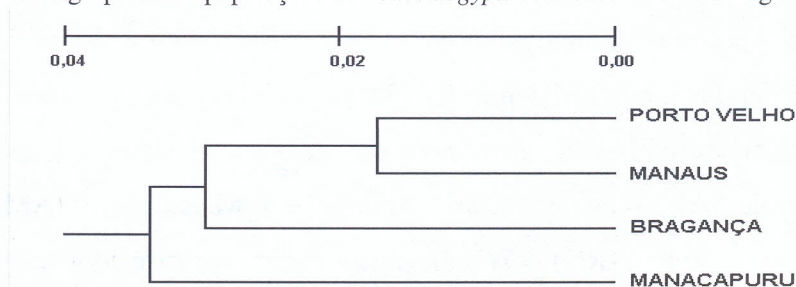
Tabela 1 – Estimativa da variabilidade genética em quatro populações de *Aedes aegypti* da Amazônia Brasileira.

População	Número médio de amostras por loco	Percentagem de locos polimórficos *	Heterozigosidade média	
			Observada	Esperada **
Porto Velho (RO)	24,41	98,14	0,4420	0,4513
Manaus (AM)	26,67	97,22	0,4331	0,4414
Manacapuru (AM)	26,14	97,22	0,4205	0,4287
Bragança (PA)	26,00	97,22	0,4199	0,4282

* Freqüência do alelo mais comum menor ou igual a 0,95; **Estimativa não enviesada (Nei, 1978).

Das populações analisadas, a de Porto Velho mostrou maior variabilidade ($P= 98,14$; $H_0= 0,4420$), enquanto a de Bragança revelou menor heteroziguidade, tanto observada quanto esperada ($H_0= 0,4199$; $H_e= 0,4282$). O valor de F_{st} foi de $0,0357 \pm 0,0054$, indicando baixa estruturação microgeográfica, com o índice do “bootstrapping” de 95%, para 1000 replicações. Os valores de distância genética foram muito baixos ($D= 0,0173 - 0,0407$), revelando homogeneidade entre as populações. No entanto, conforme mostra a figura 1, estas foram separadas em três grupos: 1- Manaus e Porto Velho ($D= 0,0173$); 2- Bragança ($D= 0,0328$) e 3- Manacapuru ($D= 0,0407$).

Figura 1 – Dendrograma agrupando as populações de *Aedes aegypti* com base na distância genética pelo método não



ponderado de agrupamento de pares com média aritmética - UPGMA (Nei, 1978).

Esses dados estão de acordo com os obtidos por Fraga *et al.* (2003), em populações de *A. aegypti* de Manaus. O alto polimorfismo em Porto Velho pode estar associado, às chances de maior fluxo gênico e ao maior tempo de introdução do vetor nesta região. Apesar das populações estarem separadas geograficamente, elas são muito semelhantes geneticamente, não havendo correlação entre a distância geográfica e a distância genética.

Consoli, R.A.G.B.; Lourenço-de-Oliveira, R. 1994. *Principais Mosquitos de Importância Sanitária no Brasil*. FIOCRUZ, Rio de Janeiro, 225p.

Fraga, E.C.; Santos, J.M.M.; Maia, J.F. 2003. Enzymatic variability in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) populations from Manaus-AM, Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 26(2): 181-187.

Miller, M.P. 1997. Tools for population genetic analyses (TFPGA): A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data, version 1.3. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University.

Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89:583-590.

Santos, J.M.M., Contel, E.P.B; Kerr, W.E., 1981. Biologia de Anofelinos Amazônicos. II. Ciclo biológico, postura e estádios larvais de *Anopheles darlingi* Root, 1926 (Diptera: Culicidae) da Rodovia Manaus/Boa Vista. *Acta Amazonica*, 11:789-797.

Wilkerson, R. C.; Parsons, T. J.; Klein, T. A.; Gaffigan, T. V.; Bergo, E.; Consolim, J. 1995. Diagnosis by random amplified polymorphic DNA polymerase chain reaction of four cryptic species related to *Anopheles (Nyssorhynchus) albitarsis* (Diptera: Culicidae) from Paraguay, Argentina and Brazil. *J. Med. Entomol.*, 32(5):697-704.