

## SAU-26

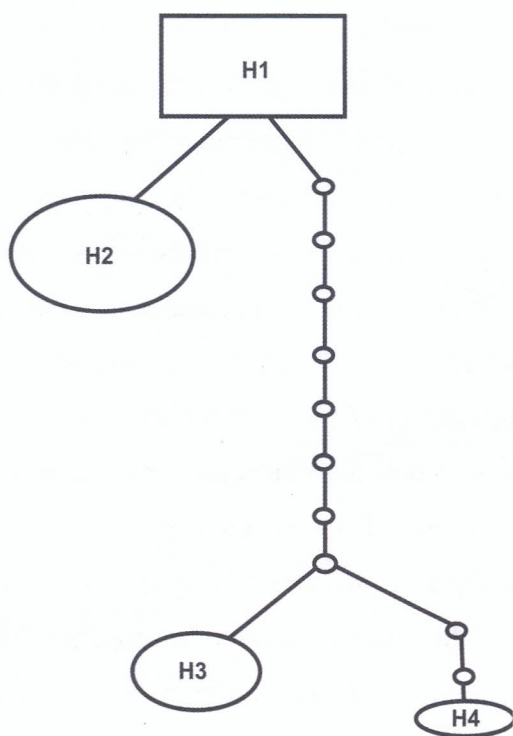
**VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Aedes aegypti* (DIPTERA: CULICIDAE) DE MANAUS (AM), UTILIZANDO-SE DNA MITOCONDRIAL.**

Tatiana Bacry Cardoza<sup>1</sup>; Vera Margarete Scarpassa<sup>2</sup>

1 - Bolsista PIBIC/FAPEAM; 2 – Pesquisador CPEN/INPA.

*Aedes (Stegomyia) aegypti* (Linnaeus, 1762) é um mosquito cosmopolita que apresenta elevada antropofilia e capacidade de adaptação, sendo o principal transmissor dos quatro sorotipos do vírus dengue e da febre amarela em áreas urbanizadas (Consoli & Lourenço-de-Oliveira, 1994). Atualmente, esse mosquito está presente em todos os estados brasileiros e freqüentes epidemias de dengue têm sido registradas em diferentes cidades do Brasil, sendo por esse motivo considerada como o mais sério problema de saúde pública. Nesse estudo apresentamos estimativas da variabilidade genética de populações naturais de *Ae. aegypti* procedentes dos bairros Coroadó, Compensa, Praça 14 de Janeiro e Tancredo Neves, Manaus, Estado do Amazonas, utilizando-se seqüências do gene Citocromo Oxidase, subunidade I (COI), do DNA mitocondrial. As amostras foram coletadas nas localidades descritas acima próximos as residências, em recipientes artificiais. Em seguida, foram transportadas para o laboratório no INPA e mantidas em insetário até atingirem os estágios de larva, pupa e adulto (Scarpassa & Tadei, 1990). Posteriormente, os espécimes foram identificados de acordo com Forattini (2002), acondicionados em tubos ependorfs e congelados a -80°C, até o momento das análises. O DNA total foi extraído e amplificado por meio da técnica de PCR. Os produtos de PCR eram checados em gel de agarose a 1%. Os indivíduos que produziram bandas foram purificados e então seqüenciados em um Seqüenciador Automático (MegaBace). As seqüências foram alinhadas com o emprego dos programas *Bioedit* e *Chromas* e analisadas estatisticamente utilizando-se os programas *DnaSP* e *TCS*. Cinquenta e seis indivíduos foram analisados. O tamanho do fragmento obtido foi de 856pb, do total de ~ 1,5 kb do gene COI. Nessas amostras, quatro haplótipos foram identificados, conforme está representado na Figura 1. O haplótipo 2, o mais freqüente, foi encontrado em todas as amostras. O haplótipo 1, o segundo mais freqüente, foi detectado nos bairros Coroadó, Praça 14 de Janeiro e Compensa. Seis indivíduos procedentes do bairro Tancredo Neves foram reunidos no haplótipo 3, o qual é altamente divergente em relação aos haplótipos 1 e 2. O haplótipo 4, também altamente divergente, foi exclusivo da

amostra da Praça 14 de Janeiro. A diversidade haplotípica variou de 0,41 a 0,71, sendo o maior valor obtido na amostra do bairro Coroado. A diversidade nucleotídica variou de 0,00048 a 0,00574, sendo o maior valor detectado na amostra do bairro Tancredo Neves. O valor de  $G_{ST}$  foi baixo entre as amostras do Coroado e Praça 14 de Janeiro ( $G_{ST} = 0,021$ ) e entre Coroado e Tancredo Neves ( $G_{ST} = 0,036$ ). Valor elevado foi observado entre os bairros Tancredo Neves e Compensa ( $G_{ST} = 0,301$ ), indicando restrito fluxo gênico entre essas duas localidades. Esses resultados demonstram que o gene COI é um marcador eficiente para detectar estrutura de população de *Ae. aegypti*, embora a literatura o descreva como conservado.



**Fig. 1** – Rede de haplótipos das quatro amostras seqüenciadas de *Ae. aegypti* de Manaus, AM. H1 a H4 = haplótipos 1 a 4.

CONSOLI, R.A.G.B. & LOURENÇO-DE-OLIVEIRA, R. 1994. **Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil**. Fiocruz, Rio de Janeiro.

FORATTINI, O. P. 2002. **Culicidologia Médica**. Volume 2. Editora da Universidade de São Paulo, Universidade de São Paulo, SP.

SCARPASSA, V.M. & TADEI, W.P. 1990. Biologia de Anofelinos Amazônicos. XIII. Estudo do ciclo biológico de *Anopheles nuneztovari* Gabaldón (Diptera: Culicidae). **Acta Amazônica**, 20(único): 95-118.