

VARIABILIDADE E DIFERENCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE TRÊS POPULAÇÕES DE *Aedes Aegypti* DO AMAZONAS E DUAS DO MARANHÃO.

André Felipe Monteiro Menezes¹; Joselita Maria Mendes dos Santos²; Juracy de Freitas Maia³
¹Bolsista PIBIC; ² Orientador; ³ Co-orientador

Aedes (Stegomyia) aegypti é o principal vetor do vírus da dengue, febre hemorrágica do dengue e do vírus da febre amarela, nas áreas tropicais e subtropicais. Este trabalho é uma análise da genética de populações de *A. aegypti*, utilizando RAPD, com o objetivo de estimar a variabilidade e divergência genética intra e interpopulacional, visando compreender a dinâmica populacional e assim, subsidiar em campanhas de controle. As amostras foram obtidas em três bairros de Manaus (AM): Centro, Compensa e Puraquequara, e em duas localidades do Maranhão: Caxias e Coelho Neto. Na identificação dos mosquitos utilizou-se a chave de Consoli & Lourenço-de-Oliveira (1994), e na manutenção em laboratório, empregou-se a metodologia usual do laboratório. A extração, quantificação e amplificação do DNA foram de acordo com Wilkerson *et al.* (1995). Foram utilizados os seguintes “primers”: OPA04 (5'-AATCGGGCTG-3'), OPA07 (5'-GAAACGGGTG-3'), OPA08 (5'-GTGACGTAGG-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. Nas análises estatísticas foi utilizado o Programa Tools for Population Genetics Analyses - TFPGA (Miller, 1997). Os dados a partir da análise dos perfis de RAPD revelaram 52 bandas nas cinco populações, variando entre 300 e 2072 pb. Os resultados mostraram um nível de variabilidade genética bastante elevado, com a heterozigosidade média variando de 0,2930 a 0,3872 (Tabela 1).

Tabela 1 – Estimativa da variabilidade genética das populações de *Aedes aegypti* de Manaus (AM) e do Maranhão.

População	Número médio de amostras por loco	Porcentagem de locos polimórficos *	Heterozigosidade média	
			Observada	Esperada **
Caxias	20,7885	90,3846	0,3639	0,3728
Coelho Neto	21,0000	100,0000	0,3751	0,3843
Compensa	28,8269	86,5385	0,3641	0,3705
Centro	28,0962	94,2308	0,3872	0,3942
Puraquequara	28,4423	76,9231	0,2930	0,2982

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

A percentagem de locos polimórficos também apresentou variação nas cinco populações, sendo a de Coelho Neto a mais polimórfica ($P= 100,00$). No entanto, a população do Centro mostrou maior heterozigosidade ($H= 0,3872$). Das cinco populações analisadas, a de Puraquequara revelou menor variabilidade ($P= 76,92$; $H= 0,2982$). A estrutura genética foi testada, com base no F de Wright, onde o valor médio de F_{st} foi 0,2177, indicando uma estruturação microgeográfica, decorrente de alguma redução no fluxo gênico. A tabela 2 mostra elevada divergência genética entre as populações, diferindo dos resultados obtidos por Fraga *et al.* (2003) em populações de Manaus, onde os autores encontraram grande homogeneidade. Os dados desse trabalho mostraram distâncias genéticas elevadas, separando as populações em três grupos: Compensa e Centro ($D= 0,0166$), Caxias e Coelho Neto ($D= 0,0664$) e Puraquequara, sendo esta, com a maior distância genética ($D= 0,2702$).

Tabela 2 – Matriz de similaridade e distância genética entre as populações de *A. aegypti* de Manaus e do Maranhão*.

População	1	2	3	4	5
1. Caxias	*****	0,9358	0,8561	0,8508	0,7945
2. Coelho Neto	0,0664	*****	0,8125	0,8429	0,8062
3. Compensa	0,1554	0,2077	*****	0,9836	0,7632
4. Centro	0,1615	0,1709	0,0166	*****	0,8087
5. Puraquequara	0,2300	0,2154	0,2702	0,2123	*****

*Valores acima da diagonal correspondem à identidade genética e abaixo, à distância genética (Nei, 1978).

Considerando-se os dados como um todo, as populações apresentaram grande heterogeneidade, e possivelmente, alguma barreira no acasalamento aleatório esteja ocorrendo entre elas, como indicadas pela estrutura e distâncias genéticas.

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. Enzymatic variability in *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) populations from Manaus-AM, Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 26(2): 181-187, 2003.

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.

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.