

# **Análise da variabilidade genética de *Aedes aegypti* e *Aedes albopictus* no município de São Lourenço da Mata: uma área composta por diferentes estratos ambientais e variações nos fatores ecológicos.**

**Autores: Suzane A. Santos<sup>1</sup>; Marcelo H. S. Paiva<sup>1,2</sup>; Rosângela M. R. Barbosa<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Centro de Pesquisas Aggeu Magalhães, Fundação Oswaldo Cruz-Pernambuco. Av. Moraes Rego, s/n campus da UFPE, Cidade Universitária, Recife-PE, Brasil. 50670-420.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Pernambuco, Centro Acadêmico do Agreste - Rodovia BR-104, km 59 - Nova Caruaru, Caruaru - PE – Brasil. CEP: 55002-970.

Mosquitos do gênero *Aedes* são considerados vetores de várias doenças como Dengue, Zika e Chikungunya. O conhecimento de aspectos como dinâmica populacional, estrutura e diversidade genética de mosquitos são de grande importância para desenvolvimento de ferramentas mais eficientes de monitoramento e controle, a fim de impedir a circulação de características genéticas, como a competência vetorial. O objetivo central do estudo consistiu em avaliar a estrutura genética de indivíduos do gênero *Aedes* em São Lourenço da Mata-Recife/PE, área que vem sofrendo rápido e brusco processo de urbanização. O material coletado com auxílio de ovitrampas é mantido até a emergência dos insetos adultos, estes são identificados por taxonomia clássica, e por fim acondicionados a -20°C. Mosquitos são submetidos a extração de DNA individualmente por protocolo de precipitação por álcool, submetidos à reações de PCR com os genes mitocondriais COI e ND5, e sequenciamento capilar. Baseado na análise do gene COI de indivíduos de *A. albopictus* da Arena PE, foram identificados 2 haplótipos, mesma análise realizada em indivíduos de *A. albopictus* obtidos na Obra de Maria revelou 5 haplótipos. 4 haplótipos do gene ND5 foram encontrados em indivíduos da Arena PE, enquanto mesma análise realizada em indivíduos obtidos na Obra de Maria revelou 2 haplótipos. Resultados distintos de estruturação genética foram obtidos entre os genes COI e ND5. Análises sem hierarquia da variância molecular para o gene COI apontaram moderada e significativa estruturação genética ( $\Phi_{st} = 0,09711$ ;  $P < 0,05$ ), com mais de 90% da variação observada dentro das populações. O estudo da diferenciação genética da mesma população para o gene ND5 revelou grande e significativa estruturação genética ( $\Phi_{st} = 0,93874$ ;  $P < 0,05$ ), com quase 94% da variação observada entre populações da Arena PE e Obra de Maria. Testes de neutralidade não foram significativos, porém hipótese possível é que essas populações já estejam geograficamente isoladas.

**Palavras-chave:** *Aedes*; variabilidade genética; urbanização.

**Apoio:** CAPES