

Estudo da diversidade genética e estrutura populacional do *Plasmodium falciparum* em uma área endêmica da Amazônia brasileira

Monica Palma-Cuero¹; Simone da S. Santos¹; Simone Ladeia-Andrade¹;
Dário E. Kalume²; Martha C. Suárez-Mutis¹

¹Laboratório de Doenças Parasitárias. ²Laboratório Interdisciplinar de Pesquisas Médicas. Instituto Oswaldo Cruz- Fiocruz. Rio de Janeiro, RJ, Brasil

INTRODUÇÃO: A complexa diversidade genética (DG) do *Plasmodium falciparum* é em parte responsável pela evasão da resposta imune do hospedeiro, pelo surgimento da resistência a fármacos e pela dificuldade na descoberta de uma vacina anti-malárica eficaz. Estudos na região Amazônica ainda são escassos no que se refere à diversidade genética e a multiplicidade de infecção (MI) em populações de *P. falciparum*. Este estudo analisou a DG e a MI de *P. falciparum* de indivíduos da região do médio rio Negro, Amazonas utilizando como alvo o gene que codifica para a proteína de superfície do merozoíta 2 (*msp2*). **METODOLOGIA:** O estudo foi realizado em Barcelos, município de alto risco epidemiológico para malária. Foram avaliadas 79 amostras clínicas de *P. falciparum* isoladas de indivíduos que apresentaram malária clínica ou infecção assintomática. Os DNAs genômicos extraídos foram submetidos à PCR para a confirmação do diagnóstico de infecção pelo *P. falciparum*, seguida de PCR-nested para amplificação da região do bloco 3 do gene *msp2* e posteriormente digestão com a enzima HinfI para diferenciação das famílias alélicas (3D7 e FC27). **RESULTADOS:** Somente foi detectada a família 3D7 nas amostras estudadas. Constatou-se dois diferentes genótipos circulando na área sendo que só dois indivíduos com malária clínica portavam os dois genótipos simultaneamente. Não foram encontradas diferenças estatisticamente significativas entre os genótipos com o sexo, faixa etária, área de residência, antecedentes de malária e o desfecho clínico dos indivíduos ($p>0,05$). **CONCLUSÕES:** O estudo do polimorfismo do gene *msp2* tem se mostrado como uma ferramenta útil para o estudo da diversidade genética do *P. falciparum*. No município de Barcelos a diversidade genética deste parasito foi limitada mostrando presença de dois genótipos circulantes e uma multiplicidade de 1,03 considerada baixa. São discutidas as implicações da baixa diversidade para o uso deste marcador nos estudos de eficácia clínica nessa área.

Palavra-chave: *Plasmodium falciparum* - diversidade genética - gene *msp2*.

Apoio: Fiocruz, CNPq programa de estudantes PEC-PG.