

JAQUELINE DE CARVALHO GASPAROTTO

Variabilidade genética de populações de *Nyssomyia neivai* do estado do Paraná,
Brasil

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde do Centro de Ciências da Saúde da Universidade Estadual de Maringá, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Ciências da Saúde.

Área de concentração: Doenças Infecciosas e Parasitárias

Orientador: Prof. Dr. Ueslei Teodoro.

Maringá

2012

Variabilidade genética de populações de *Nyssomyia neivai* do estado do Paraná, Brasil.

RESUMO

As investigações sobre a estrutura genética das populações de flebotomíneos são importantes para a compreensão dos padrões de dispersão das espécies e para o desenvolvimento de estratégias de controle. Pela importância desses insetos na saúde pública, o estudo genético de suas populações precisa ser mais explorado, uma vez que as pesquisas têm sido realizadas principalmente com *Lutzomyia longipalpis*. Com o objetivo de conhecer a estrutura genética e o fluxo gênico da espécie *Nyssomyia neivai* foi realizado o sequenciamento do gene mitocondrial NDH4 de populações provenientes dos municípios de Doutor Camargo, Lobato, Japira e Porto Rico, no estado do Paraná, Brasil. Foram sequenciados 80 espécimes de *Ny. neivai*, 20 de cada município, obtendo-se 269 pares de bases. Detectou-se um total de 27 haplótipos, 28 sítios polimórficos, diversidade haplotípica de 0,80696 e diversidade de nucleotídeos de 0,00567. O haplótipo H5, com 33 espécimes, foi o mais comum entre as quatro populações. Os haplótipos H5 e H7 são os únicos presentes nas quatro populações de flebotomíneos. A população de *Ny. neivai* com maior diversidade genética é a de Doutor Camargo. Essa população é a única que compartilha haplótipos com as populações dos demais municípios, compartilha o maior número de haplótipos com Lobato, além de ter o maior número de haplótipos exclusivos. Não houve correlação significativa entre as distâncias genética e geográfica das populações estudadas, contudo, foi observado que, entre Japira e Porto Rico, há maiores distâncias genética e geográfica e menor fluxo gênico. Os dendrogramas Neighbor-Joining (NJ) demonstraram que não há variabilidade interespecífica entre os espécimes da mesma população.

Palavras-chave: Flebotomíneos. *Nyssomyia neivai*. DNA mitocondrial. Gene NADH-desidrogenase subunidade 4. Variabilidade genética.

Genetic variability of *Nyssomyia neivai* populations of the state of Paraná, Brazil.

ABSTRACT

Investigation on the genetic structure of sandfly populations is essential for understanding dispersal patterns of species and development of control strategies. Genetic study of sandflies populations needs to be further explored, given the importance of these insects on public health, besides in most cases studies have been performed with *Lutzomyia longipalpis*. Thus, were performed these quenching of NDH4 mitochondrial gene from population of municipalities of Doutor Camargo, Lobato, Japira, and Porto Rico, Paraná state, Brazil, in order to understand the genetic structure and gene flow of *Nyssomyia neivai* species. Were sequenced 80 *Ny. neivai* specimens, 20 from each municipality, getting 269 base pair. Were detected a total of 27 haplotypes, 28 polymorphic sites, haplotypic diversity of 0.80696 and a nucleotide diversity of 0.00567. H5 haplotype, with 33 specimens, was the most common among the four populations. H5 and H7 haplotypes were the only ones present in the four sandfly populations. *Ny. neivai* population from Doutor Camargo presented the higher genetic diversity. Just this population shared haplotypes with the other municipality population; it shared the highest number of haplotypes with Lobato and also had the highest number of exclusive haplotypes. There was no significant correlation between genetic and geographic distances from studied population. However, were observed the highest genetic and geographic distance, and the lower gene flow among Japira and Porto Rico. The Neighbor-Joining (NJ) dendograms demonstrated no interspecific variability among specimens from the same population.

Keywords: Sandflies. *Nyssomyia neivai*. DNA mitochondrial. NADH-dehydrogenase subunit 4. Genetic variability.