

## Uso do DNA *barcoding* na identificação do Grupo *Anopheles* (*Nyssorhynchus*) *albitarsis* na área urbana do município de Santarém, Pará, Brasil

Evaldo M. Costa<sup>1 2</sup> Marlisson A. C. Feitosa<sup>1 2</sup> Belgrano Santiago<sup>3</sup> Roseli L. C. dos Santos<sup>4</sup>; Sirlei A. Morais<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Oeste do Pará – UFOPA. Programa de Pós - Graduação em Recursos Aquáticos Continentais Amazônicos- PPGRACAM<sup>2</sup>. Email: maicostaevaldo@gmail.com. marlisson.feitosa@gmail.com. <sup>3 4 5</sup>Universidade Federal de Sergipe. Departamento de Morfologia. Laboratório de Entomologia e Parasitologia Tropical. e-mail: Santiago\_rekowsky@hotmail.com. rlacorte@ufs.br. sirlei@usp.br.

Os marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados em estudos biogeográficos e reconstrução filogenéticas de vários grupos de vetores de importância médica. O Grupo *Albitarsis* do gênero *Anopheles* é constituído por oito espécies (*An. albitarsis* s.s., *An. albitarsis* F, *An. janconnae*, *An. oryzalimnetes*, *An. deaneorum* e *An. marajoara*, *An. albitarsis* G e *An. albitarsis* H) e uma linhagem mitocondrial *An. albitarsis* H, as quais apresentam características morfológicas semelhantes que dificultam a identificação e, por conseguinte, sua potencialidade vetorial. Este estudo teve como objetivo definir por meio de técnica molecular a espécie do Grupo *Albitarsis* que ocorre na área urbana do município de Santarém. As capturas foram realizadas através da técnica de pouso sobre humanos entre agosto e dezembro de 2015. Dos mosquitos capturados 1343 foram identificados como Grupo *Albitarsis*. Desses, 21 foram processados para amplificação do fragmento de gene da enzima citocromo c oxidase 1- CO1 (DNA *barcoding*) de 612pb. Foram analisadas 21 sequências e incluídas outras 2 do *GenBank* de *An. marajoara* e *An. deaneorum* para comparação de distâncias dentro do grupo. Os dados das 21 sequências trabalhados no *Blast Pumed/NCBI* mostraram dois *clusters*: *An. albitarsis* G e a linhagem *Albitarsis* H, com variação intraespecífica de menos de 1% e interespecífica de mais de 2%. Comparando as sequências, o *An. marajoara* está mais próximo tanto do *An. albitarsis* G como do *An. albitarsis* H, com distância de 0.010 dos dois *clusters*. Enquanto o *An. deaneorum* está mais distante dos dois *clusters* 0.015. Na comparação por pares de bases, o *An. marajoara* possui 2% de diferença, e o *An. deaneorum* atinge de 3 a 5% de diferença com relação aos pares de bases dos *An. albitarsis* G e H. *An. albitarsis* G e a linhagem H são simpátricas na área de estudo, sendo o primeiro registro dessa linhagem para o estado do Pará.

**Palavras – Chave:** Malária, marcador molecular, *Albitarsis* H, espécies simpátricas,

**Apoio:** CAPES.