



# XIII Congresso de ECOLOGIA

## III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

### TAXONOMIA MOLECULAR DE ESPÉCIES DOS GÊNEROS *Nyssomyia* (Barretto, 1962) E *Evandromyia* (Mangabeira, 1941) DE FLEBOTOMÍNEOS (DIPTERA, PSYCHODIDAE) DO BRASIL.

Bruno Leite Rodrigues<sup>1 2\*</sup>, Luís Fernando Carvalho-Costa<sup>2</sup>, Erick Barros Chaves<sup>1</sup>, Thiago de Almeida Bezerra<sup>1</sup>, Adalberto Alves Pereira Filho<sup>1</sup>, José Manuel Macário Rebêlo<sup>1</sup>

1. Laboratório de Entomologia e Vetores da Universidade Federal do Maranhão (LEV-UFMA)
  2. Laboratório de Genética e Biologia Molecular da Universidade Federal do Maranhão (LabGeM-UFMA)
- \*Correspondência para brunno2310@gmail.com

Tema/Meio de apresentação: Filogenia/Oral

Os flebotomíneos são insetos incriminados como vetores biológicos de protozoários do gênero *Leishmania*. Sua correta identificação é de grande importância epidemiológica, porém em muitos grupos pode ser confusa por conta da complexidade dos caracteres diagnósticos e da necessidade de profissionais qualificados para realizar a identificação. Portanto, o uso de ferramentas moleculares, como o DNA Barcoding, que usa um pequeno fragmento do genoma mitocondrial, é essencial como ferramenta complementar na identificação desses vetores. Assim, este estudo teve como objetivo avaliar a ferramenta do DNA Barcoding na identificação de espécies dos gêneros *Nyssomyia* Barretto, 1962 e *Evandromyia* Mangabeira, 1941, coletadas no estado do Maranhão (Nordeste Brasileiro), combinadas com sequências obtidas do banco de dados GenBank. Após a extração do DNA total, um fragmento do gene COI foi amplificado e sequenciado. As sequências foram alinhadas e editadas no software MEGA 6, onde também foram geradas as distâncias genéticas K2P e uma árvore de Neighbor-joining. Foram analisadas 206 sequências (543 pb) de 13 espécies de flebotomíneos, sendo 65 sequências inéditas obtidas neste estudo e as restantes (141) disponíveis no banco de dados. Os valores médios de distância k2p intraespecíficos variaram entre 0.4% e 2.9%, enquanto os valores interespecíficos foram de 0.7% a 18.8%, mostrando a ausência do “barcode gap”. *Ev. lenti*, *Ev. carmelinoi* e *Ev. evandroi*, formaram um único clado com valores intraespecíficos muito baixos, mostrando a ineficiência da ferramenta molecular para identificação dessas espécies. A seis espécies de *Nyssomyia* analisadas formaram clados bem suportados por valores de *bootstrap*, apesar das distâncias interespecíficas K2P com valores abaixo do normal (entre 3.0% e 7.5%). Esses dados mostram a ineficácia da ferramenta DNA Barcoding na identificação de algumas espécies do gênero *Evandromyia*, e mostra que o gênero *Nyssomyia* é um grupo recente, evidenciando a necessidade de abordagens integrativas para a taxonomia de flebotomíneos.

Agradecemos ao CNPq pelo financiamento do projeto; BLR agradece FAPEMA pelo apoio financeiro