

## **FAUNA E INFECÇÃO NATURAL POR LEISHMANIA EM FLEBOTOMÍNEOS DE NOVA ANDRADINA, MATO GROSSO DO SUL**

Marco Aurélio Louveira Areco (marcoalareco@gmail.com)

Iara Beatriz Andrade De Sousa (iara.doutoradoufgd@gmail.com)

Gabrielle Lopes Noia (gabrielle\_noia@hotmail.com)

Anibal Salinas Junior (anibalsalinasjunior@gmail.com)

Jhoy Alves Leite (jhoyalvesleite@gmail.com)

Paulo Silva De Almeida (psilvadealmeida@yahoo.com.br)

As leishmanioses são doenças infecciosas causadas pelos parasitas do gênero *Leishmania*, cujos vetores são as fêmeas de insetos flebotomíneos que dependem do sangue de vertebrados para a maturação dos ovos. Diversos mamíferos podem ser hospedeiros para o parasita das leishmanioses e diferentes espécies de flebotomíneos são considerados vetores. O objetivo deste projeto foi investigar a fauna dos flebotomíneos e a taxa de infecção natural por *Leishmania* spp. Trata-se de um estudo entomológico/epidemiológico realizado no município de Nova Andradina no estado de Mato Grosso do Sul, Brasil. Durante os meses de março de 2019 a fevereiro de 2020, cinco armadilhas CDC foram instaladas no período noturno, por três noites consecutivas. Após a coleta, foi realizada a triagem e identificação dos insetos, sendo separados por sexo em pools de até 10 espécimes e mantidos refrigerados a -20°C em álcool 80% para conservação. Uma amostra de 10% foi utilizada para a identificação da espécie por análise microscópica após clarificação. Outra amostra de 10% foi utilizada para a detecção da presença de DNA de *Leishmania* em fêmeas. Nestas, o DNA foi obtido através da maceração das fêmeas em solução de Chelex 5%. Em seguida, o DNA extraído foi submetido à uma Multiplex-PCR (reação em cadeia da polimerase), para amplificar fragmentos de *Leishmania* (primers 13A e 13B) e para controle interno (primers 5LIcac e 3LIcac que amplificam um gene presente em insetos do gênero *Lutzomyia*). Foram utilizados controles positivos (pool de macho + promastigotas de *Leishmania* spp.) e negativos (somente machos). Os produtos da amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose. Foram coletados 42.287 insetos, sendo 77,3% (n=32.683) fêmeas. Foram clarificados e identificados 4.613 (10,9%) insetos, com predominância da espécie *Nyssomyia neivai* (n=4.453; 96,5%). Outras quatro espécies foram encontradas: *Nyssomyia whitmani* (n=131), *Brumptomyia brumpt* (n=24), *Brumptomyia avellari* (n=4) e *Pintomyia pessoai* (n=1). Quanto à análise de PCR, até o momento foram analisados, 200 pools de fêmeas (43%) e apenas 2 foram positivos para *Leishmania* spp.,

representando uma taxa de infecção natural de 0,43%. Apesar de ser um resultado parcial, podemos observar que a área analisada contém a predominância/abundância de um dos principais vetores de leishmaniose tegumentar no Brasil, sendo também evidenciado que alguns exemplares estavam infectados com *Leishmania* no ambiente, podendo favorecer a ocorrência da transmissão da doença na região.