**DIVERSIDADE DE CULICIDAE (DIPTERA) E SEUS HOSPEDEIROS EM UM TRECHO DE ÁREA DE MATA ATLÂNTICA DA REGIÃO SUL DO BRASIL.**

**Diversity of Culicidae (Diptera) and their hosts species in the Atlantic Forest of Southern Brazil.**

Ana Carolina Felicio Alves1, Angela Maria Palacio Cortés1, Mário Antônio Navarro da Silva 1

1 Programa de Pós-Graduação em Zoologia. Universidade Federal do Paraná.

anafelicio@ufpr.br

Áreas de mata são habitats de diferentes espécies de vertebrados que representam uma importante fonte de alimento para espécies da família Culicidae. A realização da hematofagia nos culicídeos envolve adaptações morfológicas, fisiológicas e comportamentais que possibilitam a eficiência na busca do hospedeiro e na digestão do sangue. O repasto sanguíneo pode ser realizado em mais de um hospedeiro e ocasionalmente são reservatórios de agentes etiológicos, levando à possível transmissão de patógenos. O presente trabalho tem como objetivo analisar a fauna de Culicidae e suas relações com os vertebrados no processo de hematofagia, componente essencial no processo de reprodução dos culicídeos e possíveis desdobramentos na circulação de agentes etiológicos em área de conservação ambiental inserida no Bioma Mata Atlântica. O projeto será desenvolvido no Parque Estadual Pico do Marumbi na região dos Mananciais da Serra localizado em Piraquara - Paraná. As coletas serão realizadas entre os meses de setembro e dezembro de 2024 utilizando aspiradores de Nasci otimizados. Serão coletados mosquitos em repouso na vegetação arbustiva de até 1,5 metros, no período diurno, com um esforço total de captura de 72 horas. Os Culicídeos serão transportados ainda vivos até o laboratório, sacrificados e mantidos em Freezer -80ºC até o processamento dos espécimens. Para as análises moleculares, as fêmeas ingurgitadas serão divididas em duas partes: (I) cabeça e tórax para identificar os agentes etiológicos, e (II) abdômen para identificar o hospedeiro vertebrado e confirmar a espécie de culicídeo. A técnica de PCR convencional será utilizada para identificar a presença de *Flavivirus* utilizando os oligonucleotídeos: MAMD (5′-AAC ATG GGR AAR AGR GAR AA-3′) e cFD2 (5′-GTG TCC CAG CCG GCG GTG TCA GC-3′), e para identificação dos *Alphavirus* serão utilizados os oligonucleotídeos Alpha1+ (5’GAYGCITAYYTIGAYATGGTIGAIGG-3’) e Alpha1- (5’KYTCYTCIGTRTGYTTIGTICCIGG-3’). A identificação do hospedeiro vertebrado será realizada usando a técnica de *Nested* PCR com um conjunto de oligonucleotídeos específicos do gene mitocondrial COI de vertebrados; a primeira PCR será realizada utilizando os oligos: M13BC-FW (5’-TGT AAA ACG ACG GCC AGT HAA YCA YAA RGA YAT YGG-3’) e BCV-RV1 (5’-GCY CAN ACY ATN CCY ATR TA-3’) e a segunda PCR será realizada utilizando os oligos: M13 (5’-GTA AAA CGA CGG CCA GTG-3’) e BCV-RV2 (5’-ACY ATN CCY ATR TAN CCR AAN GG-3’). A análise de diversidade será realizada considerando os índices de diversidade de Shannon-Wiener (H), índice de dominância de Simpson (C) e o índice de equabilidade de Pielou (J). Em coletas preliminares para ajuste do método, duas fêmeas ingurgitadas foram coletadas e identificadas utilizando COI sendo elas *Culex (Melanoconion) sp.* e *Aedes serratus*, as quais a partir do sangue foram identificados respectivamente os seguintes hospedeiros: *Proechimys guyannensis,* roedor da família Echimyidaee *Chamaeza meruloides*, da família Formicariidae*.* Também foi possível coletar e identificar predominantemente espécies pertencentes aos gêneros *Culex* (27,83%), *Runchomyia* (23,48%), *Phoniomyia* (13,4%) e *Sabethes* (12,17%). As informações geradas neste estudo auxiliarão o monitoramento entomológico e a prevenção de ocorrência de ciclos epizoóticos para a área, contribuindo ainda com informações sobre a diversidade e riqueza de culicídeos da área estudada.

**Palavras-chave:** Hematofagia; Arboviroses; Monitoramento Entomológico.