

DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DE LINHAGENS DE *Plasmodium* spp. EM REGIÃO DE ALTA TRANSMISSÃO NA BACIA AMAZÔNICA BRASILEIRA.

Nicolle Sousa Araújo, Winni Alves Ladeia, Eline Kattenberg, Anna Rosanas-Urgell, Nathalia Rammé Medeiros Albuquerque, Marcelo Urbano Ferreira

Departamento de Parasitologia, Instituto de Ciências Biomédicas, Universidade de São Paulo, São Paulo - SP, Brasil.

Introdução: A intensa migração populacional na Amazônia Legal favorece a manutenção da transmissão da malária em áreas urbanas e periurbanas. A integração de genômica e análise espacial permite investigar a dispersão e a persistência de linhagens parasitárias no espaço e no tempo.

Objetivos: Avaliar a distribuição espacial e temporal de linhagens de *Plasmodium vivax* e *Plasmodium falciparum* em área de transmissão residual de malária na bacia amazônica.

Métodos: Entre 2018 e 2021, foram coletadas amostras de sangue e dados epidemiológicos em Mâncio Lima, Rodrigues Alves e Cruzeiro do Sul (AC). O diagnóstico foi realizado por PCR em tempo real, seguido de identificação das espécies por qPCR TaqMan. As amostras foram sequenciadas por tecnologia Illumina, com seleção de SNPs informativos para ambas as espécies. A diversidade intra-hospedeiro foi estimada por Fws, e a imputação de genótipos realizada no Beagle 5.4. As relações genéticas foram inferidas por identidade por descendência (IBD). As coordenadas geográficas foram analisadas no QGIS.

Resultados: Foram analisadas 190 amostras de *P. vivax* e 119 de *P. falciparum*. A análise de IBD revelou clones idênticos e altamente relacionados compartilhados entre localidades, além de focos de persistência temporal entre 2018 e 2020. Para *P. falciparum*, observou-se maior concentração de persistência e conectividade genética em áreas rurais, sugerindo papel dessas regiões na manutenção e dispersão da transmissão. Para *P. vivax*, a dinâmica mostrou-se mais difusa, com agregação espacial e temporal tanto em áreas rurais quanto periurbanas.

Conclusão: A integração de dados genômicos e espaciais evidenciou padrões de persistência e dispersão clonal na região estudada. Esses achados subsidiam estratégias de vigilância mais direcionadas, reforçando a importância do diagnóstico precoce para interrupção da transmissão.

