

**Diversidade de Microrganismos isolados da microbiota de *Anopheles darlingi*
(Diptera: Culicidae) da Amazônia Brasileira**

Heliana C. M. Belchior¹, Gabrielle Maria de Medeiros Maia², Luana Lessa Rodrigues Santos², Rosa Amélia Gonçalves Santana⁴, Camila Fabbri^{3,4,5}, Ana Cristina Bahia^{2,6}, Mariana Rocha David^{1,6}, Stefanie Costa Pinto Lopes^{3,4}

1. Programa de Pós-Graduação em Biologia Parasitária – Instituto Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil.
2. Instituto de Biofísica Carlos Chagas Filho UFRJ, Rio de Janeiro, Brasil.
3. Instituto Leônidas e Maria Deane – Fiocruz Amazônia, Manaus, Amazonas, Brasil.
4. Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Vieira Dourado, Manaus, Amazonas, Brasil.
5. Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas, Brasil.
6. Instituto Oswaldo Cruz – Fiocruz, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

Anopheles darlingi, principal vetor de *Plasmodium* no Brasil, apresenta elevada antropofilia e elevada suscetibilidade à infecção por *Plasmodium vivax*, o principal agente etiológico da malária no país. A interação entre o plasmódio e a microbiota intestinal pode modular o desenvolvimento do parasita por meio da secreção de moléculas antiparasitárias ou da ativação do sistema imune do vetor. Este estudo tem como objetivo isolar e identificar bactérias e fungos presentes no intestino de *An. darlingi* coletados em campo e criados em laboratório. *An. darlingi* foram coletados em São Gabriel da Cachoeira - AM e no insetário da FMT-HVD, em Manaus - AM. Os intestinos foram dissecados e microrganismos cultiváveis foram isolados em meios como Ágar Sabouraud Dextrose, YPD Agar e LB. A identificação das linhagens bacterianas e fúngicas foi realizada por meio da Espectrometria de Massa MALDI-TOF, e as amostras serão submetidas ao sequenciamento dos genes 16S rRNA e ITS em plataforma Illumina MiSeq. Foram obtidos 18 isolados, incluindo os fungos: *Meyerozyma guilliermondii*, *Aureobasidium melanogenum* e *Candida orthopsilosis*. Entre as bactérias destacam-se *Pantoea dispersa*, *Serratia marcescens* e *Serratia* spp. encontradas predominantemente em mosquitos mantidos em laboratório. Essas espécies são comuns em insetos e podem modular a competência vetorial, influenciando nutrição, desenvolvimento e resposta imune do hospedeiro, fatores relevantes para a transmissão de patógenos. Além disso, a presença de leveduras como *M. guilliermondii* reforça a importância da microbiota na fisiologia do vetor, uma vez que esta espécie já foi associada à modulação da resposta imune e ao metabolismo de nutrientes em outros anofelinos. O entendimento dessas interações complexas entre a microbiota intestinal, o vetor e os plasmódios circulantes é crucial para o desenvolvimento de novas estratégias para o controle da malária no Brasil.

Palavras-chaves: malária, bactéria, fungo, vetor, anofelinos.

Agradecimentos: Fiotec, Inova Fiocruz, FAPERJ, FVS-AM, CNPq e Capes.