

## TAXONOMÍA MOLECULAR DE ESPECIES DE *Lutzomyia* (DIPTERA: PHLEBOTOMIDAE) ASOCIADAS A LA CUENCA DEL RÍO PAMPLONITA MEDIANTE EL USO DE DNA-BARCODE

Lizeth Bolívar<sup>1\*</sup>, Diego Carrero<sup>1</sup> y Richard Hoyos<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Pamplona. Laboratorio de entomología, Grupo de Investigación en Ecología y Biogeografía, Pamplona. <sup>2</sup>Universidad del Sinú. Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana, Montería.

\*lizethbolivar17@gmail.com

Los dípteros del género *Lutzomyia* son los principales responsables de la transmisión del parásito *Leishmania* spp. en América. La taxonomía de estos vectores está fundamentada en los caracteres morfológicos de los adultos, principalmente, en las estructuras anatómicas de la cabeza y la genitalia. Aunque estos caracteres permiten distinguir la mayoría de los taxones, existen complejos de especies que son morfológicamente indistinguibles por su similitud en la morfología de las hembras con otras especies y series del subgénero *Lutzomyia*, haciendo aún más compleja la identificación cuando no se dispone del macho. En este estudio, el fragmento citocromo oxidasa I mediante el modelo Kimura 2-Parametros (K2P) se propuso como código de barras de ADN para identificar muestras de *Lutzomyia* colectadas en tres municipios de Norte de Santander, Colombia, mediante la aplicación de protocolos para extracción de ADN, PCR Y secuenciación. El fragmento amplificado y secuenciado fue de 697pb obteniéndose 62 haplotipos para siete especies del género *Lutzomyia* (*L. spinicrassa*, *L. shannoni*, *L. pia*, *L. columbiana*, *L. evansi*, *L. longiflocosa* y *L. torvida*). La divergencia genética intraespecífica fluctuaron hasta 6.3%, mientras que los valores para la divergencia interespecífica variaron de 11- 20%. El Dendograma de Neighbor- Joining agrupó los flebotomíneos en siete grupos con valores de arranque entre 99-100% soportado por árbol de Inferencia Bayesiana, el cual presentó altos valores posteriores de clado. Los resultados validan la utilidad de la región código de barras de ADN como una herramienta diagnóstica complementaria a la taxonomía convencional, constituyéndose como una herramienta contundente en la resolución taxonómica de especies biológicas conflictivas y que en el área de salud pública es imprescindible realizar identificaciones oportunas, claras y con celeridad, en escenarios de alto riesgo de transmisión en el departamento de Norte de Santander.

**Palabras claves:** citocromo oxidasa I, código de barras, taxonomía, Distancias genéticas, Neighbor–Joining.