

**DESENVOLVIMENTO DE METODOS PARA DETECTAR CO-INFECÇÃO DE
CARRAPATO COM MULTIPLAS ESPECIES DE AGENTES RICKETTSIAS**

Cristievelin Marinho (cmarquesmarinho@gmail.com)

Douglas Mcintosh (pus972@yahoo.co.uk)

Tassia Torres Furtado (furtadotassia@gmail.com)

Wendi Eugenio De Jesus Silva (esilvawendi@ufrj.br)

As riquetsioses transmitidas por carrapatos representam um desafio emergente para a saúde pública no Brasil, sendo provável que muitos casos sejam subestimados devido à apresentação clínica inespecífica, limitações diagnósticas e falta de conhecimento entre profissionais de saúde. As bactérias do gênero *Rickettsia* são microrganismos intracelulares obrigatórios de importância zoonótica, com espécies como *Rickettsia rickettsii*, *R. parkeri*, *R. amblyommatis* e *R. rhipicephali* já relatadas em diferentes vetores no país. Estudos recentes indicam que coinfeções envolvendo duas ou mais espécies de *Rickettsia* em um mesmo carrapato podem ocorrer com maior frequência do que se supunha, ampliando a complexidade ecológica desses patógenos e levantando questões sobre possíveis interações competitivas ou sinérgicas que poderiam influenciar a competência vetorial e a dinâmica de transmissão. O objetivo deste estudo foi desenvolver e aplicar métodos moleculares acessíveis e padronizados para detectar coinfeções em carrapatos, aliando inovação tecnológica a uma perspectiva aplicada de vigilância. As análises foram conduzidas no Laboratório Multiusuário de Biologia Molecular

(BIOMOL/UFRRJ) a partir de DNA extraído de 97 amostras de carrapatos das espécies *Amblyomma longirostre*, *A. parkeri* e *A. romarioi*. Foram empregados ensaios de nested-PCR direcionados aos genes *ompA* e *ompB*, bem como PCRs espécie-específicos desenvolvidos para *R. parkeri* e *R. rhipicephali*, associados a ensaios de polimorfismo de fragmentos de restrição (PCR-RFLP) e sequenciamento confirmatório. A padronização dos primers e das condições de reação aumentou a sensibilidade e especificidade, permitindo a detecção de múltiplas espécies em um mesmo vetor. Os resultados mostraram coinfeções em 37 amostras (38,15%), incluindo associações inéditas, como *R. amblyommatis* e *R. parkeri* em *A. longirostre*, além da detecção concomitante de *R. rhipicephali* com *R. parkeri* em *A. parkeri* e *A. romarioi*. Do ponto de vista epidemiológico, a detecção de *R. parkeri* em *A. longirostre* amplia o espectro de potenciais vetores para uma espécie considerada potencialmente patogênica para humanos, enquanto a presença de *R. rhipicephali* em carrapatos tradicionalmente associados a *R. parkeri* sugere que a comunidade microbiana presente em espécies de carrapatos brasileiros pode ser mais diversa e dinâmica do que anteriormente reconhecido. Além de gerar novos conhecimentos sobre as riquetsioses transmitidas por carrapatos no Brasil, este trabalho demonstra o valor da integração dos protocolos desenvolvidos com a plataforma Tick-Cutter, um sistema inovador e de baixo custo para a identificação padronizada de carrapatos e de espécies de *Rickettsia*. A aplicação do Tick-Cutter não apenas fortalece a precisão diagnóstica, mas também apoia a criação de uma rede sustentável de laboratórios colaboradores, capazes de produzir dados moleculares validados e harmonizados. Tal rede tem o potencial de democratizar o acesso a diagnósticos moleculares avançados, expandir a capacidade de vigilância e aprimorar a preparação do Brasil para enfrentar os desafios impostos por patógenos emergentes transmitidos por carrapatos no contexto de Saúde Única, consolidando assim um modelo colaborativo e inovador de vigilância epidemiológica.

Palavras-chave: saúde única; vigilância molecular; co-infecção.