

**REDES SUSTENTÁVEIS PARA A VIGILÂNCIA EFICAZ DE PATÓGENOS EMERGENTES EM CARRAPATOS DE ANIMAIS SILVESTRES.**

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

*Douglas Mcintosh (pus97@yahoo.co.uk)*

*Tassia Torres Furtado (furtadotassia@gmail.com)*

*Cristievelin Marques Marinho (cmarquesmarinho@ufrj.br)*

As riquetsioses transmitidas por carrapatos configuram-se como um desafio crescente para a saúde pública no Brasil, muitas vezes subestimado devido à inespecificidade clínica, limitações diagnósticas e insuficiente difusão de conhecimento entre profissionais de saúde. As bactérias do gênero *Rickettsia*, entre as quais *Rickettsia rickettsii*, *R. parkeri*, *R. amblyommatis* e *R. rhipicephali*, já foram registradas em diferentes espécies de carrapatos, mas a compreensão de sua ecologia permanece incompleta. Estudos recentes sugerem que coinfeções em um mesmo vetor não são eventos raros, adicionando complexidade às interações biológicas e às cadeias de transmissão. Frente a esse cenário, destaca-se a necessidade de métodos diagnósticos mais precisos, acessíveis e padronizados, capazes de sustentar uma vigilância epidemiológica ampla e de baixo custo. O presente trabalho teve como objetivo desenvolver e aplicar técnicas moleculares com foco na inovação frugal, priorizando soluções que conciliam eficiência, padronização e viabilidade econômica. As análises foram conduzidas no Laboratório Multiusuário de Biologia Molecular (BIOMOL/UFRRJ) utilizando DNA de 97

amostras de *Amblyomma longirostre*, *A. parkeri* e *A. romarioi*. Foram aplicados protocolos de nested-PCR dirigidos aos genes *ompA* e *ompB*, combinados a PCRs espécie-específicos para *R. parkeri* e *R. rhipicephali*, ensaios de PCR-RFLP e sequenciamento para validação. O desenho racional de primers e a padronização de condições de reação aumentaram a confiabilidade, garantindo a detecção simultânea de múltiplas espécies no mesmo vetor. Os resultados indicaram coinfeções em 37 amostras (38,15%), incluindo combinações inéditas, como *R. amblyommatis* e *R. parkeri* em *A. longirostre*, além da presença de *R. rhipicephali* em associação com *R. parkeri* em *A. parkeri* e *A. romarioi*. Do ponto de vista epidemiológico, a detecção de *R. parkeri* em *A. longirostre* expande o leque de vetores potenciais para uma espécie considerada potencialmente patogênica para humanos, enquanto as associações envolvendo *R. rhipicephali* apontam para uma microbiota de carrapatos mais diversa do que se reconhecia. Mais do que a geração de novos dados científicos, este trabalho evidencia o papel da inovação como motor de transformação, destacando a plataforma Tick-Cutter como exemplo de inovação frugal aplicada à saúde única. Trata-se de uma tecnologia de baixo custo e fácil implementação, capaz de padronizar a identificação de carrapatos e riquetsias e de ser replicada em laboratórios com infraestrutura limitada. A adoção do Tick-Cutter em conjunto com protocolos acessíveis favorece a criação de uma rede sustentável e colaborativa de laboratórios, democratizando o acesso a métodos moleculares e ampliando a capacidade de resposta do Brasil frente a patógenos emergentes transmitidos por carrapatos. Assim, o presente estudo reforça que a ciência pode ser simultaneamente rigorosa e acessível, oferecendo soluções inovadoras que atendem às necessidades locais sem perder validade internacional, e consolidando um modelo de vigilância epidemiológica inclusivo, colaborativo e orientado pela inovação.

Palavras-chave: rickettsia; carrapatos; coinfeção; tick-cutter; vigilância molecular.