



**XI CONGRESSO DA SOCIEDADE PAULISTA DE
PARASITOLOGIA**
“Parasitologia Translacional: Da Pesquisa Básica a Saúde Pública”
10 a 12 de abril de 2026 – São Paulo (SP)

**PREVALÊNCIA E DIVERSIDADE DE HEMOSPORÍDEOS EM AVES
SILVESTRES DO PARQUE NACIONAL DO ITATIAIA, MATA ATLÂNTICA**

Carolina Anjos^{1*}; Alan Fecchio²; Carolina R. F. Chagas³; Crislaine Melo de Jesus¹; Karin Kirchgatter^{1,4}

¹ Programa de Pós-Graduação em Doenças Infecciosas e Saúde Global, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil.

² Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, SP, Brasil.

³ State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Akademijos 2, 08412 Vilnius, Lituânia.

⁴ Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Instituto Pasteur, São Paulo, SP, Brasil.

*Autor correspondente: carolina.anjos@usp.br

Os hemosporídeos de aves (*Plasmodium*, *Haemoproteus* e *Leucocytozoon*) são parasitos sanguíneos cosmopolitas transmitidos por vetores artrópodes que infectam uma ampla diversidade de espécies de aves e representam modelos importantes para estudos de interação parasito-hospedeiro. A Mata Atlântica, um dos *hotspots* de biodiversidade mais ameaçados do mundo, apresenta elevado endemismo e riqueza de espécies, constituindo um cenário especialmente importante para a investigação da diversidade e dinâmica desses parasitos. Neste estudo, investigamos a diversidade e a prevalência de hemosporídeos em aves silvestres do Parque Nacional do Itatiaia (PNI), unidade de conservação inserida na Serra da Mantiqueira, Mata Atlântica, abrangendo os estados do Rio de Janeiro e Minas Gerais. As aves foram capturadas em agosto e outubro de 2025 com redes de neblina em dois ambientes altitudinais contrastantes: vale/encosta (~1.100 m) e planalto (2.000 – 2.140 m). Ao todo, foram coletadas 87 amostras de sangue de aves pertencentes a 44 espécies, 21 famílias e sete ordens, submetidas a análises morfológicas e moleculares (PCR e sequenciamento do gene *cytb*) para detecção e caracterização das linhagens parasitárias. Análises filogenéticas estão sendo conduzidas para inferir as relações entre as linhagens detectadas, como também testes estatísticos para avaliar diferenças na prevalência e na diversidade parasitária entre as duas zonas altitudinais. Foram encontradas 61 amostras positivas para *Plasmodium*/*Haemoproteus*, resultando em uma prevalência geral de infecção de 70,1% (61/87; IC95%: 60,0–78,7%, método de Wilson). As infecções por hemosporídeos foram confirmadas morfolologicamente pela observação dos estágios parasitários em esfregaços sanguíneos de oito amostras. As linhagens pTUMIG03 e pTURUF03, associadas à morfoespécie *Plasmodium unalis*, foram detectadas em 38 aves de 26 espécies distintas, sendo consideradas linhagens generalistas neste estudo. Adicionalmente, coinfeções com *Trypanosoma* (n=5) e microfilárias (n=2) foram detectadas morfolologicamente em seis espécies de Passeriformes. Esses resultados evidenciam a elevada diversidade e prevalência de parasitos sanguíneos na avifauna do PNI e ressaltam a importância da integração de abordagens morfológicas e moleculares em unidades de conservação da Mata Atlântica, contribuindo para a compreensão das interações entre parasito-hospedeiro nesse bioma criticamente ameaçado.

Palavras-chave: *Plasmodium*, *Haemoproteus*, hemoparasitas.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPESP.