



## 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)

### PRIMEIROS REGISTROS MOLECULARES DE *Lankesterella* sp. E *Isospora* sp. EM SANGUE DE AVES SILVESTRES BRASILEIRAS

Bruna Antonetti Damato<sup>1\*</sup>; Carolina Romeiro Fernandes Chagas<sup>2</sup>; Ludmila Lago dos Santos  
Mendoza<sup>3</sup>; Maria de Jesus Costa Nascimento<sup>3</sup>; Fábio Schunck<sup>4</sup>; Karin Kirchgatter<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Programa de Pós-Graduação em Doenças Infecciosas e Saúde Global, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, São Paulo 05403-000, Brasil;

<sup>2</sup> State Scientific Research Institute Nature Research Centre, Vilnius 08412, Lithuania;

<sup>3</sup> Instituto Pasteur, São Paulo 01027-000, Brasil;

<sup>4</sup> Pesquisador Independente, São Paulo 04785-040, Brasil;

\*Autor correspondente: brunantonetti@usp.br

Os hemococcídeos são protozoários intracelulares pertencentes ao filo Apicomplexa que apresentam estágios sanguíneos em seu ciclo de vida e infectam uma ampla diversidade de hospedeiros, incluindo aves silvestres. Dentre eles estão os parasitas dos gêneros *Lankesterella* e *Isospora*, frequentemente confundidos entre si devido à semelhança morfológica de seus estágios teciduais, ainda não estão completamente elucidados. A avifauna brasileira é uma das mais diversas do planeta, porém, os estudos sobre esses parasitos em amostras de sangue de aves nativas ainda são extremamente escassos. Desta forma, este trabalho tem como objetivo a detecção e caracterização molecular de hemococcídeos em aves silvestres da Mata Atlântica do Estado de São Paulo. Um total de 580 amostras de sangue foram coletadas entre 2020 e 2022 no Parque Estadual Serra do Mar, Núcleo Curucutu (SP) e foram armazenadas em cartões FTA<sup>®</sup>. O DNA genômico foi extraído e submetido a *nested PCR* para amplificação de um fragmento de ~1105 pb do gene nuclear *18S* (*SSU rRNA*). Os produtos positivos da *PCR* foram sequenciados pelo método de Sanger e as sequências foram comparadas com aquelas disponíveis no *GenBank*. Das amostras processadas, 20 (~3,4%) foram positivas para hemococcídeos, sendo 12 para *Isospora* sp. (~2,0%) e oito para *Lankesterella* sp. (~1,4%). O gênero *Isospora* foi detectado em seis famílias hospedeiras (Apodidae, Emberizidae, Parulidae, Thraupidae, Turdidae e Vireonidae), sugerindo uma diversidade de hospedeiros maior do que a esperada, contrapondo os dados descritos na literatura. Já o gênero *Lankesterella* foi detectado em quatro famílias (Conopophagidae, Dendrocolaptidae, Pipridae e Thamnophilidae). A reconstrução filogenética baseada no gene *18S*, atualmente em andamento, permitirá caracterizar as linhagens detectadas de forma mais robusta. Até o momento, não existem registros publicados da detecção molecular de *Lankesterella* sp. e *Isospora* sp. em amostras de sangue de aves silvestres no Brasil, tornando este estudo a primeira descrição molecular desses parasitos na avifauna nativa e reforçando a necessidade de investigações sobre hemococcídeos na Mata Atlântica.

**Palavras-chaves:** Hemococcídeos; Passeriformes; Mata Atlântica.

**Apoio:** CAPES e CNPq.