

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE DE RICKETTSIA SPP. EM CARRAPATOS
DE DIFERENTES BIOMAS BRASILEIROS**

Olivia Zen Gianfrancisco (oliviazen.gianf@gmail.com)

Davi Guimarães De Almeida (daviguimaraes@id.uff.br)

Ellen Meireles Brandão (ellenmeirelesvetcat@gmail.com)

Izabela Mesquita Araújo (isabela.bio77@hotmail.com)

Paulo Cesar Magalhães Matos (paulo.matos@ifap.edu.br)

Ingrid Rezende De Oliveira (ingridrezendevet@gmail.com)

Izabela Germano Guedes (izabelagermanoguedes@gmail.com)

Claudia Bezerra Da Silva (claudia_ufrj@yahoo.com.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

Espécies do gênero *Rickettsia* apresentam ampla relevância na transmissão de zoonoses, sendo os carrapatos importantes vetores e reservatórios desses agentes. Este estudo investigou a ocorrência e diversidade de *Rickettsia* spp.

em carrapatos de vida livre e parasitária, provenientes de hospedeiros silvestres, nos biomas Amazônia, Mata Atlântica e Cerrado. Foram analisados 460 carrapatos, com predominância do gênero *Amblyomma* (99,7%), distribuídos entre Amazônia (n = 303), Cerrado (n = 64) e Mata Atlântica (n = 93), representando elevada diversidade taxonômica. Após identificação morfológica, os carrapatos foram submetidos à extração de DNA e, posteriormente, à detecção molecular por reação em cadeia da polimerase (PCR), direcionada aos genes *gltA* (triagem), *htrA* e *ompA*, seguida de sequenciamento e análise filogenética. A triagem revelou positividade de 7,60% (35/460) para *htrA* e 7,17% (33/460) para *ompA*, com positividade global de 9,22%. A detecção foi restrita aos biomas Amazônia e Mata Atlântica, não sendo observada no Cerrado. Após análise morfológica dos carrapatos, foram identificadas 19 espécies de *Amblyomma* e 1 espécie de *Ixodes*, das quais seis apresentaram infecção por *Rickettsia* spp., abrangendo diferentes estágios de desenvolvimento. Carrapatos positivos incluíram espécies dos gêneros *Amblyomma* e *Ixodes*, destacando-se *Amblyomma cajennense* sensu stricto, *Amblyomma sculptum*, *Amblyomma dubitatum*, *Amblyomma ovale*, *Amblyomma geayi* e *Ixodes loricatus*, evidenciando ampla diversidade de vetores. As sequências obtidas apresentaram elevada similaridade genética (99–100%) com espécies do grupo da febre maculosa, com predominância de *Rickettsia amblyommatis*, com correspondência a sequências do GenBank (DQ517291.1, CP012420.1, FJ455414.1), além da detecção de *Rickettsia parkeri* (MZ720759.1, CP040325.1), *Rickettsia felis* (GQ329880.1) e *Rickettsia bellii* (AY375161.1), não sendo identificado DNA de *Rickettsia rickettsii*. Observou-se predominância de infecção em estágios imaturos, especialmente ninfas, evidenciando o papel da transmissão vertical na manutenção das riquetsias. A baixa similaridade entre os biomas indica que fatores ambientais e a disponibilidade de hospedeiros estruturam a dinâmica desses agentes. Este estudo representa uma análise comparativa entre biomas brasileiros, demonstrando a variedade de riquetsias circulantes. Os achados indicam áreas de interesse para vigilância epidemiológica e potencial risco de emergência de riquetsioses na interface entre ambiente, animais e humanos.

Palavras-chave: zoonoses; análises moleculares; epidemiologia; vetores; vigilância epidemiológica.