

RESUMO - ENTOMOLOGIA E ACAROLOGIA

INFESTAÇÃO POR PULGAS *TUNGA TRIMAMILLATA* EM CAPIVARAS

Warley Vieira De Freitas Paula (warleyvieira@usp.br)

Gabriel Cândido Dos Santos (doscandido@discente.ufg.br)

Rodrigo Araújo Camêlo (rodrigo.camelo@discente.ufg.br)

Bruna Rodrigues Soares (brunarodrigues23@discente.ufg.br)

Nicolas Jalowitzki De Lima (jalowitzki@discente.ufg.br)

Bianca Barbara Fonseca Da Silva (biancabarbara@discente.ufg.br)

Isabella Pereira Pesenato (isa.pesenato@gmail.com)

Fernando De Castro Jacinavicius (fcjacinavicius@gmail.com)

Felipe Da Silva Krawczak (felipekvet@ufg.br)

A tungíase é uma doença zoonótica ectoparasitária cutânea causada por pulgas fêmeas do gênero *Tunga*, que acomete humanos, animais silvestres e domésticos. A capivara (*Hydrochoerus hydrochaeris*) é o maior roedor do mundo e encontra-se amplamente distribuída na América do Sul. O presente estudo teve como objetivo relatar a infestação por pulgas *Tunga trimamillata* em capivaras. Foram coletadas 13 pulgas de patas e membros, três capivaras

capturadas na Escola de Veterinária e Zootecnia, no Campus da Universidade Federal de Goiás, na cidade de Goiânia, Goiás. Após a coleta, as amostras foram preservadas em etanol absoluto ou isopropanol, e 11 exemplares foram encaminhadas ao Laboratório de Acarologia e Patógenos Associados do Instituto de Biologia da Universidade Estadual de Campinas. A identificação morfológica foi realizada sob estereomicroscópio, com base nas chaves taxonômicas. Posteriormente, os espécimes foram armazenados a -20 °C até a realização das análises moleculares. A extração de DNA foi conduzida utilizando o kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen), seguindo as instruções do fabricante para tecidos. A amplificação por PCR utilizou os primers para o gene 18S rRNA (SSU), gerando fragmentos de aproximadamente 600 pb, e para o gene mitocondrial cytochrome c oxidase subunit II (coxII), com fragmentos de cerca de 800 pb. Os produtos com tamanho esperado foram purificados com ExoSAP-IT (Applied Biosystems) e sequenciados no Centro de Estudos do Genoma Humano e Células-Tronco da Universidade de São Paulo. As sequências obtidas foram editadas no software Geneious 9.1.8 e comparadas com dados disponíveis no GenBank por meio da ferramenta BLASTn. Foram analisados oito espécimes, todos identificados morfolologicamente como *Tunga trimamillata* Pampiglione, Trentini, Fioravanti, Onore & Rivasi, 2002. Desses, quatro foram submetidos às análises moleculares e apresentaram amplificação satisfatória. Para o gene 18S rRNA, todas as amostras exibiram um único haplótipo, com 100% de identidade com sequências da família Tungidae previamente depositadas no GenBank (100% com *Tunga monositus* [EU336034.1], *Tunga penetrans* [EU336115.1] e *Tunga libis* [EU336114.1]). Para o gene coxII, as sequências apresentaram maior similaridade com *T. trimamillata* (90,4%; AY425827.1), previamente registrada no Equador. Esta é a primeira vez que o gene 18S rRNA para *T. trimamillata* é sequenciado. Além disso, os dados de coxII indicam a presença de um novo haplótipo para a espécie no Brasil, ampliando o conhecimento sobre sua diversidade genética e distribuição geográfica.

Palavras-chave: tungíase; *hydrochoerus hydrochaeris*; pcr.