

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**PREVALÊNCIA DE INFECÇÃO POR RICKETTSIA SPP. EM AMBLYOMMA
CAJENNENSE SENSU STRICTO PARASITANDO ANTAS (TAPIRUS
TERRESTRIS) NA REGIÃO AMAZÔNICA BRASILEIRA**

Carlos Eduardo Camargo Fanchini (edufanchini@alumni.usp.br)

Emília Patrícia Médici (medici@ipe.org.br)

Thiago Fernandes Martins (thiagodogo@hotmail.com)

Marcelo Bahia Labruna (labruna@usp.br)

A anta (*Tapirus terrestris*) é o maior mamífero terrestre nativo do Brasil. Apesar de possuir uma extensa distribuição geográfica no país, é classificada como espécie Vulnerável à Extinção. Por ser o vertebrado que abriga a maior riqueza de espécies de carrapatos no continente sul-americano, a anta assume particular relevância no contexto de ecologia de vetores e dos microrganismos transmitidos por eles. O presente estudo pretendeu avaliar a infestação por carrapatos em *T. terrestris* no bioma Amazônico, com foco na avaliação da infecção por *Rickettsia* spp. em carrapatos da espécie *Amblyomma cajennense sensu stricto* (s.s). Para isso, exemplares de carrapatos foram coletados em antas da Fazenda Tanguro, em Querência (MT), as quais foram capturadas e

anestesiadas durante os anos 2022-2025, como parte do monitoramento realizado pela Iniciativa Nacional para a Conservação da Anta Brasileira (INCAB-IPÊ). Os carrapatos coletados foram armazenados em etanol absoluto e encaminhados ao laboratório, onde foram identificados ao nível de espécie por meio de chaves taxonômicas disponíveis. Após a identificação, 66 adultos de *A. cajennense* s.s (pelo menos um por anta) foram submetidos individualmente à extração de DNA pela técnica do isotiocianato de guanidina/fenol. Posteriormente, essas amostras foram testadas para o gênero *Rickettsia* por meio de qPCR, para amplificar um fragmento do gene *gltA* de *Rickettsia* spp. As amostras positivas na qPCR foram então submetidas a um protocolo de PCR convencional (heminested) para amplificação de um fragmento do gene *ompA* de *Rickettsia* spp., enquanto as negativas foram testadas pelo gene endógeno 16S rRNA mitocondrial de carrapatos. Parte das amostras positivas na PCR para o gene *ompA* (um por hospedeiro) foi submetida ao sequenciamento de DNA pela técnica de Sanger. Ao todo, foram analisados carrapatos coletados de 26 antas. Como resultado, 100% das antas estavam infestadas por carrapatos, sendo identificados como *A. cajennense* s.s., *Amblyomma* ovale, *Amblyomma* coelebs, *Amblyomma* naponense, *Amblyomma* sculpturatum e *Haemaphysalis juxtakochi*. A espécie *A. cajennense* s.s. foi a única presente em todas as antas, compreendendo 278 adultos (202 fêmeas e 76 machos) e 311 ninfas coletadas. Dos 66 carrapatos testados, 59 (89,4%) foram positivos na PCR para o gene *ompA*. Dessas amostras, obteve-se 22 sequências parciais do gene *ompA*, correspondentes a um único haplótipo de *Rickettsia amblyommatis*, 100% similar com outras sequências depositadas no GenBank. Estes resultados indicam que as antas da região amazônica brasileira avaliada estão altamente expostas a *R. amblyommatis*, um agente de patogenicidade desconhecida do grupo da febre maculosa.

Palavras-chave: ixodidae; carrapatos; epidemiologia.