

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

EXPANDINDO O MAPA: ASSOCIAÇÃO ENTRE RICKETTSIA PARKERI E AMBLYOMMA PARVUM EM NOVAS ÁREAS DO NORDESTE BRASILEIRO

João Felipe Audi Gazeta (joaofgazeta@hotmail.com)

Ingrid Benevides Machado (ingridbenevidesmachado@gmail.com)

Ana Beatriz Pais Borsoi (anaborsoi@gmail.com)

Karla Bitencourth Garcia (karlabitencourth@gmail.com)

Mariana Guimarães Côrtes Da Cruz (mariana_g_cortes@hotmail.com)

Robson Da Costa Cavalcante (robsondcavalcante@gmail.com)

Gilberto Salles Gazeta (gsgazeta@ioc.fiocruz.br)

Nathalie Costa Da Cunha (nathaliecunha@id.uff.br)

Riquetsioses são infecções bacterianas de caráter cosmopolita transmitidas por ectoparasitos hematófagos, principalmente carrapatos e pulgas, sendo a Febre Maculosa (FM) a doença mais relevante associada a carrapatos. No Brasil, *Rickettsia rickettsii* causa a forma mais grave e potencialmente fatal da doença, enquanto *Rickettsia parkeri* está associada a infecções mais leves e com sintomas inespecíficos. Nesse contexto, na região Nordeste, o cenário eco-

epidemiológico da febre maculosa, bem como das riquetsioses de maneira geral, embora progressivamente mais conhecido, permanece relativamente nebuloso. Assim, o presente estudo teve como objetivo descrever as primeiras associações entre *Rickettsia parkeri* e *Amblyomma parvum*, com base em evidências moleculares obtidas no estado do Ceará. Durante o estudo, foram analisadas amostras de DNA genômico (DNAg) provenientes do repositório de amostras do Laboratório de Carrapatos e Outros Artrópodes (LAC-FIOCRUZ). Essas amostras foram extraídas de carrapatos previamente identificados morfológicamente oriundos de áreas de interesse epidemiológico do estado. As amostras de DNAg obtidas foram triadas para *Rickettsia* spp. por PCR convencional utilizando marcadores dos genes *gltA* (CS2-78/CS2-323) e/ou *ompA* (Rr.190.70p/Rr190.602n). Um subconjunto das amostras que amplificaram para algum dos genes durante a triagem inicial foi posteriormente analisado utilizando os marcadores nested *ompB* (SFG-IF/SFG-TG IR) e *htrA* (17kD1/17kD2). As amostras positivas foram subsequentemente submetidas à purificação e sequenciamento, e posterior reconstrução filogenética parcial com base nessas sequências gênicas. Após análise, foram encontrados fragmentos de *R. parkeri* em dois carrapatos da espécie *A. parvum* (um coletado em *Canis familiaris* e outro em *Homo sapiens*). Esses achados ampliam a distribuição conhecida de *R. parkeri* no Ceará e reforçam sua associação com *A. parvum* em regiões geograficamente distintas, considerando que os municípios onde essa interação foi detectada — Santana do Cariri e Aracati — estão separados por aproximadamente 430 km. Além disso, a detecção em hospedeiro humano de um espécime infectado de *A. parvum*, espécie de carrapato agressiva e de caráter marcadamente antropofílico frequentemente encontrada no estado do Ceará, reforça sua potencial relevância epidemiológica, indicando que esse carrapato pode desempenhar papel na manutenção e transmissão de *R. parkeri* no bioma Caatinga, evidenciando a necessidade de mais estudos acerca do potencial vetorial de *A. parvum* e da dinâmica ecológica dessa interação.

Palavras-chave: *rickettsia parkeri*; *amblyomma parvum*; parasitologia; ceará; biologia molecular.