

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DETECÇÃO MOLECULAR DE ANAPLASMATACEAE EM AVES INSULARES
NO MONUMENTO NATURAL DAS ILHAS CAGARRAS, RIO DE JANEIRO**

Gabriel Batista Da Silva Leão (gabrielbsleao@ufrj.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Maria Ogrzewalska (mogrzewalska@gmail.com)

Isadora Dos Santos Dias (isadorasdias100@gmail.com)

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

Jorlan Fernandes (jorlan.fernandes.j@gmail.com)

Elba Lemos (erslemos@gmail.com)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

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

As aves marinhas são sentinelas ambientais estratégicas que, devido ao comportamento colonial e alimentar, apresentam alta vulnerabilidade a vetores e hemoparasitos. Diante da escassez de dados epidemiológicos em ilhas brasileiras, a pesquisa de patógenos é essencial para integrar a saúde silvestre

e ambiental sob a ótica de Uma Só Saúde, identificando riscos biológicos para a avifauna. O objetivo desta investigação foi detectar a frequência de aves insulares de vida livre no estado do Rio de Janeiro infectadas por bactérias da família Anaplasmataceae. As atividades de campo foram realizadas entre os anos de 2022 e 2025, com a aprovação do CEUA protocolo L-019/2021-A1, no Monumento Natural do Arquipélago das Ilhas Cagarras, situada no município do Rio de Janeiro, que abriga importantes colônias reprodutivas. O esforço amostral concentrou-se nas ilhas Cagarra e Redonda, tendo como espécies-alvo o atobá-pardo (*Sula leucogaster*) e a fragata (*Fragata magnificens*), devido à sua ampla ocorrência e por apresentarem estratégias biológicas distintas que podem influenciar diretamente a dinâmica do parasitismo e a dispersão de vetores. A metodologia de campo envolveu a captura ativa das aves e a coleta de material biológico (sangue total ou coágulo obtido a partir da coleta de soro). No laboratório, o DNA genômico foi extraído utilizando o kit comercial QIAamp® DNA Blood Mini (QIAGEN), seguindo protocolos de fabricação, com adaptações específicas para amostras de aves. Para a detecção molecular de agentes da família Anaplasmataceae, foi aplicado protocolo de PCR para amplificação de um fragmento de ~345 pb do gene 16S rDNA. Posteriormente, amostras positivas foram submetidas a detecção dos fragmentos dos genes 23S rRNA (~700 pb) e groEL (~635 pb) de *Anaplasma* sp., e dsb (~683 pb) do gênero *Ehrlichia*. Amostras previamente sequenciadas de *Anaplasma platys*-like e *Ehrlichia canis* foram utilizadas como controles positivos, e água ultrapura como controle negativo interno e externo. Das 147 amostras de aves coletadas, em 2,90% de *S. leucogaster* (n=2/69) e 2,56% de *F. magnificens* (n=2/78) foram detectados os alvos para família Anaplasmataceae (16S rDNA) e gênero *Anaplasma* sp. (23S rDNA e groEL). Nenhuma amostra amplificou o gene dsd de *Ehrlichia* sp. Estes resultados preliminares apontam para a presença de aves marinhas infectadas por bactérias da família Anaplasmataceae no arquipélago, fato que reforça a necessidade de mais pesquisas que possibilitem a caracterização molecular em nível de espécie com subsequente avaliação do potencial risco no contexto de uma só saúde.

Palavras-chave: ambientes insulares; anaplasmataceae; aves marinhas; uma só saúde;.

