

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**ANAPLASMA SPP EM ÁREA DE TREINAMENTO MILITAR NO RIO DE
JANEIRO: PREVALÊNCIA MOLECULAR E FILOGENIA BASEADA NO GENE
16S RRNA**

Isadora Dos Santos Dias (isadorasdias100@gmail.com)

Diogo Dos Santos Maia (dm.patoclin@gmail.com)

Ellen Meireles Brandão (ellenmeirelesvetcat@gmail.com)

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

Maiara Vasconcelos Monteiro (maiaraufpa2013@gmail.com)

Jônathan David Ribas Chagas (jonathanchagas@ufrj.br)

Rubens Fabiano Soares Prado (fabianovetmil@gmail.com)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@gmail.com)

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

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

Bactérias do gênero *Anaplasma* (Anaplasmataceae, Rickettsiales) são microrganismos pleomórficos, Gram-negativos e obrigatoriamente

intracelulares, que se reproduzem em vacúolos citoplasmáticos de células sanguíneas de vertebrados e são transmitidos por carrapatos ixodídeos dos gêneros *Ixodes*, *Rhipicephalus*, *Haemaphysalis*, *Amblyomma* e *Dermacentor*. Trata-se de um gênero amplamente distribuído, graças às condições climáticas favoráveis à presença dos vetores, e cujas espécies, adaptadas a células sanguíneas e vetores específicos, e capazes de infectar animais domésticos, silvestres e seres humanos, representam uma ameaça sanitária global. Áreas naturais com circulação de pessoas são potenciais fontes de infecção e aumentam as oportunidades de transbordo, ao promoverem a interface fauna silvestre-carrapatos-seres humanos. Desta forma, o objetivo do estudo foi verificar a prevalência molecular e filogenia da infecção por *Anaplasma* spp. em carrapatos provenientes da Academia Militar das Agulhas Negras (AMAN), localizada no município de Resende – RJ. A pesquisa foi autorizada pela CEUA-IV/UFRRJ sob o nº 9302140819. Foram analisados 319 carrapatos: 44 larvas e 6 pools de larvas de *Amblyomma* spp.; 187 ninfas e 7 adultos de *Amblyomma sculptum*; 3 ninfas e 3 adultos de *Amblyomma dubitatum*; 42 ninfas e 1 adulto de *Amblyomma brasiliense*; 2 ninfas de *Amblyomma longirostre*; e 7 larvas e 17 pools de larvas de *Dermacentor* spp. O DNA foi extraído utilizando o método de fenol-clorofórmio e submetido à PCR convencional para o gene ITS2 (1200 pb; controle da extração) e nested-PCR para o gene 16S rRNA (1ª reação 1.433pb; 2ª reação 926pb), de *Anaplasma* spp.. Os produtos da PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose, visualizados em transiluminador UV e sequenciados pelo método de Sanger. Houve amplificação em três amostras testadas, representando uma prevalência de 0,94%, sendo uma de um carrapato adulto da espécie *A. brasiliense* (0,31%), e duas de pools de larvas de *Amblyomma* spp. (0,63%). As sequências de 16S rRNA apresentaram identidade >99% com *Anaplasma* sp. (MT019536, MT019537) amostrado em *Amblyomma coelebs* do Parque Nacional Iguaçu, Paraná, e com *Anaplasma* sp. (PQ432569, PQ432581) identificado em *Hylaeamys megacephalus* em Mato Grosso, sugerindo a presença de linhagens amplamente distribuídas e possivelmente associadas a ciclos silvestres. Embora o gene 16S rRNA seja limitado para identificação a nível de espécie, permitiu caracterizar de forma inequívoca a circulação do patógeno, suscitando investigações para determinar as espécies envolvidas. Conclui-se que a AMAN pode atuar como um foco de

manutenção do agente, ratificando a importância da vigilância em áreas de interface entre carrapatos, fauna silvestre e seres humanos.

Palavras-chave: carrapatos ixodídeos; interface silvestre-doméstica; vigilância epidemiológica; zoonoses.