

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DIVERSIDADE E DETECÇÃO MOLECULAR DE RICKETTSIA SPP. EM
CARRAPATOS EM ANIMAIS SILVESTRES NO ESTADO DE ALAGOAS,
BRASIL**

Bruna Costa Da Gama (bcgama@usp.br)

Thiago F. Martins (thiagodogo@gmail.com)

Jonatas Campos De Almeida (jonatas.almeida@ufg.br)

João Paulo De Lima Pinheiro (joao.paulo@ceca.ufal.br)

Beatriz De Paula Fernandes Dutra (beatrizpfd@gmail.com)

Leila Rosa (marialeila.rosa@gmail.com)

Ana Cecília Pires De Azevedo Lopes (anaceciliapiresal@gmail.com)

Marcelo Bahia Labruna (labruna@usp.br)

As riquetsioses transmitidas por carrapatos representam importante problema de saúde pública, especialmente em regiões subnotificadas. Este estudo investigou a diversidade de carrapatos, suas associações com hospedeiros e a detecção molecular de *Rickettsia* spp. em carrapatos de animais silvestres do estado de Alagoas, Nordeste do Brasil. Entre 2022 e 2025, foram coletados

1.148 carrapatos provenientes de 17 espécies de vertebrados silvestres, sendo identificados por métodos morfológicos e moleculares. A composição da população foi predominantemente representada por ninfas (77,96%; 895/1.148), seguidas por fêmeas (10,45%; 120/1.148), larvas (6,6%; 76/1.148) e machos (4,9%; 57/1.148). O gênero *Amblyomma* foi predominante, correspondendo a 91,6% dos registros (55/60), com alta frequência de estágios imaturos (larvas e ninfas). Répteis, especialmente a jiboia-arco-íris (*Epicrates cenchria*), apresentaram a maior carga parasitária, com 817 carrapatos (71,1% do total de 1.148), enquanto mamíferos como preguiças (*Bradypus variegatus*, 71 carrapatos *Amblyomma varium*; 6,18%), tamanduás (*Tamandua tetradactyla*, 36 carrapatos *Amblyomma nodosum*; 3,13%) e capivaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*, 133 carrapatos *Amblyomma dubitatum*; 11,58%) também demonstraram níveis relevantes de infestação. Foram realizadas análises moleculares em 40 carrapatos viáveis, selecionados dentre diferentes espécies e hospedeiros, com predominância de larvas gênero *Amblyomma* (13/40) seguido por *Amblyomma rotundatum* (7/40), *A. dubitatum* (5/40), *A. varium* (4/35), *Amblyomma sculptum* (4/40), *Amblyomma fuscum* (2/40) e *A. nodosum* (2/40). Das demais espécies de carrapatos (*Amblyomma auricularium*, *Rhipicephalus linnaei*, *Ixodes loricatus*) foi extraído um espécime de cada (3/40). A detecção de *Rickettsia* spp. por qPCR ocorreu em 8,6% (3/40) dos carrapatos analisados, sendo *A. rotundatum*, *A. dubitatum* e *A. fuscum*. Dentre estas, apenas este último, uma ninfa de *A. fuscum* coletada de réptil (*Boa constrictor*) apresentou amplificação para o gene *gltA* por PCR convencional, possibilitando o sequenciamento e identificação de *Rickettsia felis* (2,8%; 1/35), agente potencialmente zoonótico pertencente ao Grupo de Transição do gênero *Rickettsia*. Foram realizados também PCR para pesquisa de *R. belli* (específico), todas amostras de carrapatos foram negativas. Os resultados evidenciaram a complexidade das interações entre carrapatos, hospedeiros e *Rickettsia* spp., indicando que animais silvestres, particularmente répteis, podem atuar como importantes carreadores de carrapatos infectados por *Rickettsia* spp. A identificação desses potenciais patógenos em uma área previamente subnotificada reforça a necessidade de ampliação da vigilância acarológica e de abordagens ecoepidemiológicas no Nordeste do Brasil.

Palavras-chave: ixodidae; riquetsioses; fauna silvestre; parasitiformes; zoonoses.