

RESUMO - CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - PARASITOLOGIA

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE COCCÍDIOS DE PÁSSAROS
SILVESTRES EM ÁREAS DE VISITAÇÃO TURÍSTICA NO PARQUE
NACIONAL DO ITATIAIA**

Lívia Paixão Lisboa Lunes (liviaiunes@ufrj.br)

Mariana De Souza Oliveira (mariana.s.o@hotmail.com)

Bruno Pereira Berto (berto.ufrj@gmail.com)

Viviane Moreira De Lima (vilima@ufrj.br)

O Parque Nacional do Itatiaia (PNI) é a primeira Unidade de Conservação (UC) instituída no Brasil e uma das principais áreas remanescentes de Mata Atlântica, a qual recebe mais de 120.000 visitantes/turistas por ano. Considerando a importância do PNI como refúgio para espécies endêmicas e ameaçadas e o impacto ambiental potencial do turismo nos ecossistemas locais, torna-se relevante o monitoramento do estado de conservação do PNI, através da quantificação e avaliação de espécies bioindicadoras e de seus biomarcadores. O conhecimento sobre os parasitas de aves silvestres é muito importante neste sentido, principalmente de alguns grupos que são reconhecidamente biomarcadores da saúde das aves e do estado de conservação do ambiente. Neste contexto, este estudo objetivou realizar a identificação molecular de coccídios parasitas de aves silvestres capturadas em áreas de alta visitação no PNI, as quais complementam a identificação morfológica e quantificação dos coccídios, além de confirmar a identificação de novas espécies, possibilitar redescrições, identificação de novos hospedeiros e

preencher lacunas nos bancos de dados genéticos. Duas expedições para captura de aves silvestres com redes de neblina e coleta de amostras fecais foram realizadas em diferentes trilhas altamente frequentadas por turistas no PNI. Oocistos identificados como *Eimeria* spp. foram recuperados e isolados a partir das amostras fecais de um enferrujado *Lathrotriccus euleri* (Cabanis, 1868) e um bico-chato-de-orelha-preta *Tolmomyias sulphurescens* (Spix, 1825). Em seguida, procedeu-se com a reação em cadeia da polimerase (PCR) para amplificação e sequenciamento genético de diferentes regiões do genoma destes oocistos isolados. Várias tentativas foram realizadas para amplificação de regiões gênicas mitocondriais e nucleares, entretanto apenas a região correspondente aos genes ribossomais da mitocôndria foram amplificadas com sucesso. Após a amplificação, os fragmentos foram purificados e submetidos ao sequenciamento. As sequências obtidas foram comparadas com as sequências já depositadas no GenBank. *Eimeria* spp. recuperadas de *L. euleri* e *T. sulphurescens* tiveram 97% e 96% de similaridade com *Isospora* spp., respectivamente. Estes resultados são inesperados, já que *Eimeria* spp. destas aves foram mais próximas filogeneticamente com *Isospora* spp. do que *Eimeria* spp.; entretanto, os gêneros *Isospora* e *Eimeria* são filogeneticamente próximos na família Eimeriidae e possivelmente os espécimes analisados neste estudo são espécies novas de *Eimeria* ou espécies já identificadas em outras espécies de aves que ainda não tiveram sua sequência depositada no GenBank. Em conclusão, o presente estudo confirmou molecularmente a identificação de *Eimeria* spp. de *L. euleri* e *T. sulphurescens* no PNI, porém outras análises serão necessárias para afirmar se estas *Eimeria* spp. são novas espécies ou são espécies já descritas parasitando novos hospedeiros. Permissões éticas: CEUAI-ICBS-UFRRJ n: 09/2022

Palavras-chave: identificação molecular; coccídios; biomarcadores; taxonomia.