

**ESTUDO DE BABESIA VOGELI EM CÃES DA MICRORREGIÃO DE UNAÍ,
NOROESTE DE MINAS GERAIS**

Maria Eduarda Segges De Sousa (dudasegges@ufrj.br)

Aroldo De Souza Junior (aroldojunior3@live.com)

Liege Vieira Da Rosa Garcia (vieiraliege@outlook.com)

?Isadora Dos Santos Dias (isadorasdias100@gmail.com)

Jonathan David Ribas Chagas (jonatachagas@hotmail.com)

Thaís Silva Oliveira (tholiveira.vet@gmail.com)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

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

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

Adivaldo Henrique Da Fonseca (adivaldo@yahoo.com)

A babesiose canina, uma importante doença transmitida por carrapatos com distribuição global, é causada por protozoários do gênero *Babesia*, sendo a espécie *Babesia vogeli* a mais prevalente na América do Sul. A doença pode se manifestar de formas subclínicas a graves, mas o diagnóstico por métodos tradicionais, como o esfregaço sanguíneo, frequentemente apresenta baixa sensibilidade, principalmente em casos de baixa parasitemia e em cães assintomáticos. A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) é considerada, atualmente, o padrão ouro para o diagnóstico, em virtude da sua alta

especificidade e sensibilidade, o que é crucial para uma detecção precisa e para a compreensão epidemiológica da doença. O objetivo deste estudo foi investigar a ocorrência de *Babesia vogeli* em cães na microrregião de Unaí, Minas Gerais, utilizando a técnica de PCR para uma detecção precisa, e contribuir para o conhecimento da epidemiologia local e ressaltar a importância do diagnóstico molecular para o controle eficaz da doença. Para isso, foram utilizadas amostras de sangue de cães com suspeita de hemoparasitose, acondicionadas e armazenadas a -20°C até a realização das análises moleculares. A extração de DNA foi realizada utilizando o kit comercial Wizard Genomic DNA Purification Kit da Promega® seguindo as instruções do fabricante. Após a extração, a detecção de DNA amplificável foi feita por PCR convencional, buscando amplificar o gene endógeno de mamíferos (GAPDH), amplificando um fragmento de 400 pares de base (pb). Foram utilizados os oligonucleotídeos GAPDH-F e GAPDH-R, utilizando água ultrapura livre de DNases como controle negativo. As amostras amplificadas foram então submetidas a ensaios de PCR específicos para *Babesia vogeli*. Os produtos da amplificação foram separados em gel de agarose, corados e visualizados. No total, a extração de DNA foi realizada em 459 amostras, sendo todas analisadas por PCR. Deste grupo, 12 amostras foram positivas para *B. vogeli*, confirmando a circulação desse protozoário na população canina da microrregião de Unaí. Os resultados demonstram a relevância da PCR como uma ferramenta diagnóstica de alta precisão, permitindo a identificação da doença em casos que poderiam passar despercebidos por métodos tradicionais. A identificação de animais positivos também permite a compreensão da relação vetor-patógeno, o que auxilia no desenvolvimento de medidas de prevenção e controle do vetor. Em conclusão, este estudo demonstrou a ocorrência de *B. vogeli* em cães na microrregião de Unaí, Minas Gerais, destacando a importância da PCR para um diagnóstico preciso e para a compreensão da epidemiologia local, e enfatizando a necessidade de continuar as pesquisas moleculares nesta área para aprimorar o diagnóstico e monitorar a disseminação de patógenos.

Palavras-chave: *Babesia vogeli*; babesiose; diagnóstico molecular; pcr.