RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE HEPATOZOON SPP. EM CÃES DOMÉSTICOS RESGATADOS DE UM DESASTRE GEOLÓGICO NO ESTADO DE ALAGOAS

Francyelly Monicke Bezerra De Moura (francyelly.moura@unesp.br)

Ana Paula Menezes Félix (anapaulafelixvet@gmail.com)

Victor Vinicius De Medeiros Mello (Medeirosmellovictorvinicius@gmail.com)

Gabrielly De Oliveira Lopes (gabrielly.lopes@unesp.br)

Pierre Barnabé Escodro (pierre.escodro@propep.ufal.br)

Rosangela Zacarias Machado (rz.machado@unesp.br)

Marcos Rogério André (mr.andre@unesp.br)

Os parasitos do gênero Hepatozoon são protozoários apicomplexos intracelulares transmitidos a vertebrados principalmente pela ingestão de artrópodes infectados, que atuam como hospedeiros definitivos no ciclo biológico. Estudos moleculares realizados no Brasil já demonstraram a ocorrência de Hepatozoon canis em cães domésticos de diferentes estados da região Nordeste, incluindo Paraíba, Pernambuco e Bahia. Entretanto, dados

moleculares referentes ao estado de Alagoas ainda são inexistentes. No Brasil, a transmissão de H. canis tem sido atribuída principalmente ao vetor Rhipicephalus sanguineus sensu lato em áreas urbanas, e Amblyomma ovale em ambientes rurais. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo investigar a ocorrência molecular e o posicionamento filogenético de Hepatozoon spp. em cães domésticos no estado de Alagoas, Brasil. Amostras de sangue total foram coletadas de cães resgatados após um desastre geológico ocorrido em bairros da cidade de Maceió, estado de Alagoas. DNA genômico foi extraído utilizando kit comercial e a presença de DNA amplificável foi confirmada por meio de PCR baseada no gene gapdh de mamíferos. A detecção de Hepatozoon spp. foi realizada por meio de PCR utilizando primers direcionados ao gene 18S rRNA. Os produtos amplificados foram visualizados por eletroforese em gel de agarose, posteriormente purificados com ExoSAP-IT ™ e submetidos ao sequenciamento pelo método de Sanger. Foram analisadas 95 amostras de sangue, das quais 11 (11,6%) apresentaram amplificação positiva para Hepatozoon spp. pela PCR. Foram sequenciados 12 amplicons, e as sequências obtidas foram depositadas no GenBank sob os números de acesso PZ155361-PZ155372. As análises realizadas por meio da ferramenta BLAST demonstraram identidade de 99,83-100% com sequências previamente descritas de H. canis. As análises filogenéticas confirmaram essa identificação, demonstrando que todas as sequências provenientes de cães domésticos da cidade de Maceió agruparam-se dentro do clado correspondente a H. canis, próximo a sequências previamente descritas em diferentes regiões do Brasil e do mundo. Além disso, as sequências analisadas permaneceram claramente separadas de outras espécies do gênero, como Hepatozoon americanum, Hepatozoon felis e Hepatozoo procyonis, reforçando a distinção filogenética entre esses táxons. Os resultados confirmam a ocorrência molecular de H. canis em cães do estado de Alagoas, representando o primeiro relato molecular desse hemoparasito no estado e ampliando o conhecimento sobre sua distribuição geográfica no Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: hemoparasitoses; 18s rrna; pcr; doenças transmitidas por carrapatos.