

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**VARIANTES ZONÓTICAS DE BARTONELLA HENSELAE EM GATOS
DOMÉSTICOS, INCLUINDO DOADORES DE SANGUE, NO CENTRO-OESTE
BRASILEIRO**

Lorena Freitas Das Neves (lorena.f.neves@unesp.br)

Clara Morato Dias (clara.morato@unesp.br)

Anna Claudia Baumel Mongruel (anna.mongruel@unesp.br)

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

Liliane M. Do R. Batista (lilianebatistabmv@gmail.com)

Francisco Anilton Alves (centrodehemoterapiapet@gmail.com)

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

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

Bartonella henselae é um importante agente zoonótico, sendo os gatos domésticos seus principais reservatórios e fontes de infecção para humanos. Este estudo investigou a ocorrência e diversidade genética de *B. henselae* em gatos domésticos do centro-oeste do Brasil, pertencentes a duas populações: 100 gatos provenientes de clínicas veterinárias e 100 gatos doadores de

sangue. A detecção molecular de *Bartonella* spp. foi realizada por qPCR direcionada à região intergênica 16S-23S rRNA (ITS), diretamente do sangue e após enriquecimento em meio *Bartonella* Alpha Proteobacteria Growth Medium (BAPGM). Além disso, foi realizada cultura sólida a partir de amostras de sangue previamente enriquecidas em BAPGM. Amostras de soro foram coletadas de 158 gatos de ambas as populações e analisadas pelo teste de imunofluorescência indireta (RIFI) para detecção de anticorpos IgG anti-*B. henselae*. Anticorpos foram detectados em 60,75% dos gatos avaliados, enquanto o DNA de *Bartonella* spp. foi identificado por qPCR em 32% dos gatos provenientes de clínicas veterinárias e em 46% dos gatos doadores de sangue. Após enriquecimento em BAPGM, 78,2% das amostras previamente negativas tornaram-se positivas na qPCR. A positividade simultânea em sorologia e qPCR foi observada em 25,3% dos animais, e nenhuma amostra apresentou positividade em todos os métodos diagnósticos utilizados. Três cepas de *B. henselae* foram isoladas, sendo duas provenientes de gatos de clínica e uma de um gato doador de sangue. A caracterização genética foi realizada por Multi-Locus Sequence Typing (MLST), direcionado a oito marcadores moleculares (*gltA*, *rpoB*, *ftsZ*, 16S rDNA, *groEL*, *bartR*, *nlpD* e *ribC*), identificando os sequence types ST1, ST2 e ST5. Este estudo reporta pela primeira vez a ocorrência de *Bartonella* em gatos doadores de sangue na América do Sul e a identificação do ST5 nessa população, além do primeiro registro do ST2 em gatos nas Américas. Os resultados destacam o potencial risco de transmissão zoonótica de *B. henselae* por transfusão sanguínea felina e evidenciam limitações dos meios diagnósticos para triagem de gatos doadores.

Palavras-chave: bartonelose; *felis catus*; doadores de sangue; sequence type.