

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**OCORRÊNCIA MOLECULAR DE BARTONELLA SPP., RICKETTSIA SPP. E
WOLBACHIA SPP. EM PULGAS CTENOCEPHALIDES FELIS FELIS
ASSOCIADAS A CÃES E GATOS NAS MICRORREGIÕES DE ILHÉUS E
ITABUNA, BAHIA, BRASIL**

Lizeth Fernanda Banguero Micolta (lizeth.banguero@unesp.br)

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

Ana Cláudia Calchi (ana.calchi@unesp.br)

Michelli Inácio Gonçalves Funnicelli (michelli.funnicelli@unesp.br)

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

Jamille Bispo De Carvalho Teixeira (jbcarvalho@uesc.br)

Katharine Costa Dos Santos (kathycosta95@gmail.com)

Thammy Vieira Bitar (thammy.bittar@gmail.com)

George Rego Albuquerque (gralbu@uesc.br)

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

Darci Moraes Barros-Battesti (barrosbattesti@gmail.com)

Renata Santiago Alberto Carlos (rsacarlos@uesc.br)

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

Ctenocephalides felis felis é reconhecida como o ectoparasito mais prevalente em cães e

gatos, desempenhando papel relevante na manutenção e transmissão de agentes zoonóticos

de importância para a saúde pública e veterinária. Em áreas tropicais de Mata Atlântica,

onde há intensa interação entre animais domésticos, fauna silvestre e populações humanas,

a compreensão da dinâmica desses patógenos em seus vetores torna-se fundamental para

avaliação de riscos epidemiológicos. Este estudo teve como objetivo investigar a ocorrência

molecular, a diversidade genética e os padrões de coinfeção por *Bartonella* spp., *Rickettsia*

spp. e *Wolbachia* spp. em pulgas *C. felis felis* coletadas de cães e gatos nas microrregiões de

Ilhéus e Itabuna, Bahia, nordeste do Brasil. Foram analisadas 1.489 pulgas, provenientes de

82 cães (n = 1.301) e 39 gatos (n = 188). A amplificação do gene endógeno *cox-1*

confirmou a qualidade do DNA obtido, com positividade de 95,77% nas pulgas coletadas

de cães e 97,34% nas de gatos. A detecção de *Bartonella* spp. por qPCR (região ITS

16S–23S rRNA) revelou ocorrência significativamente maior em pulgas associadas a gatos

(34,43%) em comparação às de cães (8,98%), demonstrando contribuição dos felinos como

reservatórios desses agentes no ambiente estudado. Por outro lado, *Rickettsia* spp. foi mais

frequentemente identificada em pulgas de cães (24,80%) do que em pulgas de gatos

(3,28%), demonstrando o papel dos cães como amplificadores para *R. felis*. *Wolbachia* spp.

apresentou maior frequência em pulgas fêmeas quando comparadas às pulgas machos

associadas a cães ($p < 0,05$), o que pode refletir interações biológicas relacionadas à

reprodução e manutenção do endossimbionte. Coinfecções simultâneas pelos três

microrganismos foram detectadas em 1% (11/1.489) das pulgas, evidenciando a co-

circulação de múltiplos agentes em um mesmo vetor. As análises filogenéticas multilocus

confirmaram a presença de *Bartonella henselae*, *Bartonella clarridgeiae*, *Rickettsia felis* e

Wolbachia spp. endossimbiontes pertencente ao supergrupo F. De forma geral, os resultados

demonstram padrões distintos de infecção segundo o hospedeiro e reforçam o papel de *C.*

felis felis como elo epidemiológico na interface animal–humano. Os achados destacam a

importância de estratégias de vigilância integrada sob a abordagem Uma Saúde,

especialmente em regiões tropicais favoráveis à manutenção e circulação desses patógenos.

Palavras-chave: doenças transmitidas por artrópodes; endossimbiontes bacterianos; epidemiologia molecular; zoonoses.