

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DIAGNÓSTICO MOLECULAR NA INVESTIGAÇÃO DE BABESIA SPP. EM
CÃES DA ILHA DO MARANHÃO**

Maria Luísa Rabelo Evas (luisarabeloevas@gmail.com)

Rafael Jefferson Dos Santos Costa (rafaelcostamedvet@gmail.com)

Anna Letícia Pinto (annaleticiaps18@gmail.com)

Sarah Cristina Da Silva Sousa (asarahsousa@gmail.com)

Aline Guedes Alves (guedesaline2804@gmail.com)

Ellainy Maria Conceição Silva (ellainymaria@hotmail.com)

Alcina Carvalho Neta (alcina.carvalhoneta@gmail.com)

A babesiose canina é uma hemoparasitose transmitida por carrapatos, amplamente distribuída em regiões tropicais, onde as condições climáticas favorecem a proliferação de seus vetores, constituindo um importante problema para a saúde animal. A infecção é causada por protozoários do gênero Babesia, capazes de parasitar eritrócitos e desencadear alterações que variam de quadros subclínicos a manifestações hematológicas mais graves. Nesse sentido, diante da escassez de investigações recentes baseadas na abordagem

moleculares no estado do Maranhão, o presente estudo teve como objetivo avaliar a ocorrência de *Babesia* spp. em cães atendidos no Hospital Veterinário Francisco Edilberto Uchôa (HVU), da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA). Foram analisadas 147 amostras de sangue total provenientes de cães de diferentes idades e sexos, coletadas entre novembro de 2024 e agosto de 2025, sob aprovação CEUA/UEMA nº 016/2025. O DNA genômico foi extraído e submetido à amplificação do gene 18S rRNA por meio da técnica de nested polymerase chain reaction (nested PCR). Dentre as amostras analisadas, 11 das 147 amostras apresentaram resultado positivo, correspondendo a uma frequência de 7,5%. Os produtos amplificados foram posteriormente sequenciados, confirmando a presença de *Babesia vogeli*, com valores de E-value iguais a zero e alta cobertura. A baixa variabilidade entre as sequências, com identidades próximas a 100%, reflete o caráter conservado do gene 18S rRNA, corroborando com estudos prévios que apontam *B. vogeli* como a principal espécie infectando cães em regiões tropicais e subtropicais, incluindo o Brasil. A frequência observada nesse estudo é semelhante à descrita em Galeno et al., 2018, que detectaram 7,69% de positividade em amostras de cães oriundos de São Luís, Maranhão. Essa similaridade sugere um padrão consistente de circulação de *B. vogeli* na região, na população canina avaliada e evidencia a importância do uso de métodos mais sensíveis no diagnóstico, especialmente em infecções com baixa carga parasitária, por frequentemente apresentarem caráter crônico, o que pode dificultar sua identificação por métodos convencionais. Nesse sentido, a nested PCR se mostra uma ferramenta importante, por permitir a detecção do DNA do parasito mesmo em condições de baixa parasitemia. Dessa forma, os resultados confirmam a circulação de *Babesia* spp. na população canina avaliada e reforçam a importância da vigilância epidemiológica, do diagnóstico molecular e do controle de ectoparasitas.

Palavras-chave: nested pcr; babesiose canina; hemoparasitose.