

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**CO-CIRCULAÇÃO DE GENÓTIPOS DE EHRLICHIA CANIS EM CÃES DA
MICRORREGIÃO DE UNAÍ, MINAS GERAIS**

Ingrid Mabial De Souza Teixeira (mabialingrid@gmail.com)

Aroldo De Souza Junior (aroldojunior3@live.com)

Jônathan David Ribas Chagas (jonathanchagas@ufrj.br)

Ellen Meireles Brandão (ellenmeirelesvetcat@gmail.com)

Victor Figueiroa Andrade (victorfigueiroa2021@ufrj.br)

Marcella Silva Casimiro (marcellacasimiro@ufrj.br)

Jenevaldo Barbosa Da Silva (jenevaldo.silva@ufvjm.edu.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

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

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrj.br)

Ehrlichia canis é uma bactéria gram-negativa, intracelular obrigatória, pertencente ao gênero *Ehrlichia* e à família Anaplasmataceae. Responsável pela erliquiose monocítica canina (EMC), esta bactéria está distribuída em

regiões de clima tropical e subtropical, e sua transmissão ocorre principalmente pela picada do carrapato *Rhipicephalus linnaei*. Estudos com proteínas imunorreativas vêm sendo realizados com o intuito de avaliar a diversidade genética. Dentre elas, a glicoproteína TRP36 é exposta na superfície bacteriana e secretada no citoplasma do hospedeiro, fornecendo informações sobre a variabilidade genética, possibilitando a identificação de diferentes genogrupos de *E. canis*. Desta forma, o objetivo do estudo foi analisar a diversidade genética de *E. canis*, utilizando o gene *trp36*, em cães da microrregião de Unaí, Noroeste de Minas Gerais. Foram amostrados 386 cães de ambos os sexos, sem restrição quanto à raça ou idade. A extração de DNA de sangue total foi realizada utilizando o kit Wizard® Genomic DNA Purification. Após a extração, foi realizada uma PCR para um fragmento do gene endógeno *gapdh* (400pb), e posteriormente análises moleculares específicas para *E. canis*. Para a detecção e caracterização molecular, as amostras foram submetidas à amplificação de um fragmento do gene *p28* (843 pb). Para a amplificação de um fragmento do gene *trp36*, as amostras previamente positivas ao gene *p28* foram submetidas a uma PCR semi-nested (800-1000pb). Das amostras analisadas, 3,1% (12/386) apresentaram amplificação para o gene *p28* de *E. canis*. Entre as amostras positivas para *p28*, 66,7% (8/12) amplificaram para o gene *trp36* e cinco amostras foram realizadas para análise da diversidade genética. Na análise de identidade das sequências nucleotídicas obtidas do gene *trp36*, as sequências apresentaram identidade variando de 97% a 99% quando comparadas a sequências de *E. canis* provenientes de diferentes regiões geográficas. Quatro sequências codificaram repetições em tandem compostas por nove aminoácidos “TEDSVSAPA”, características do genogrupo americano, com número de cópias variando entre 12 e 16. Em contraste, uma sequência apresentou repetições em tandem formadas por oito aminoácidos “ASVVPEAE”, típicas do genogrupo brasileiro, com 13 cópias. A análise da região N-terminal revelou que todas as amostras apresentaram alta identidade (99–100%) com sequências previamente descritas como híbridas no Brasil. O estudo evidencia a diversidade genética de *E. canis* na microrregião de Unaí-MG, possivelmente influenciada pela pressão imunológica e adaptação ao hospedeiro. A co-circulação dos genogrupos brasileiro e americano reforça a complexidade

genética do agente na região e destaca a importância do monitoramento molecular contínuo.

Palavras-chave: bactéria intracelular; diversidade genética; trp36; genogrupos.