

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DETECÇÃO MOLECULAR E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE BABESIA
GOIANAENSIS EM CAPIVARAS (HYDROCHOERUS HYDROCHAERIS) DE
ÁREAS ENDÊMICAS E NÃO ENDÊMICAS PARA FEBRE MACULOSA
BRASILEIRA**

Thiago Dutra Dias (thiagodd15@gmail.com)

Eduarda De Oliveira Silva Lima Machado (eduardamachadovet@gmail.com)

Laís Feliciano De Souza (laisfelicici@gmail.com)

Isaac Leandro Lira Pinto (isaac.ufrj@gmail.com)

Laís Da Silva De Oliveira (Sialais98@gmail.com)

Larissa Costa Dos Santos (lara_acacias@hotmail.com)

Roberta Wilkinson Graser Sanches (robertawgs@gmail.com)

Letícia Pereira Da Silva (leticiapsilva@ufrj.br)

Victor Silva De Souza (vicctorsilva21@gmail.com)

Barbara Barros Dos Santos (barbarabarrosdossantos2005@gmail.com)

Hermes Ribeiro Luz (hermes.luz@ufma.br)

Marcelo Bahia Labruna (labruna@usp.br)

Carlos Luiz Massard (carlosmassard@gmail.com)

Maristela Peckle Peixoto (maristelapectle@gmail.com)

Capivaras são importantes hospedeiros de carrapatos, sendo associadas à transmissão da Febre Maculosa Brasileira (FMB), causada por *Rickettsia rickettsii* e transmitida no Brasil por carrapatos do gênero *Amblyomma*. Diante disso, torna-se essencial investigar o seu papel na circulação de outros agentes infecciosos com potencial zoonótico. Para a realização desse estudo, foram realizadas coletas de sangue em áreas com presença de capivaras que foram divididas em endêmicas, com ocorrência de casos de FMB nos últimos 10 anos (Americana/SP; Piracicaba/SP e Araras/SP), não endêmicas de baixa diversidade (Pirassununga/SP; Ribeirão Preto/SP e Tatuí/SP) e não endêmicas de alta diversidade (Pantanal de Poconé/MT e Pantanal de Nhecolândia - Corumbá/MS), totalizando 155 amostras coletadas. O DNA foi extraído com o kit comercial Extracta Kit Locus. As amostras foram submetidas à nPCR com alvo no 18S rDNA, utilizando os primers BTF1/BTR1 (930 pb) e BTF2/BTR2 (800 pb). A detecção dos produtos amplificados foi realizada por eletroforese em gel de agarose a 1,5%, corados com brometo de etídio e visualizados em fotodocumentador. Em seguida, cinco amostras, foram purificadas utilizando o kit ExoSAP-IT (Applied Biosystems) e sequenciadas pelo método de Sanger. Os “contigs” foram montados através do software CLC Main Workbench (Qiagen). A análise Blast, revelou 99% de identidade das amostras do estudo com *Babesia goianiaensis*. A análise filogenética incluiu as cinco sequências obtidas neste estudo e 33 sequências piroplasmas disponíveis no GenBank. Como “outgroup” foram utilizados *Cardiosporidium cionae*, *Cryptosporidium* spp. e *Hepatozoon* sp., totalizando um “dataset” final de 38 sequências. O alinhamento foi realizado pelo método ClustalW e posteriormente editado, resultando em um alinhamento final de 569 pb. A reconstrução filogenética foi realizada pelo método de máxima verossimilhança, com 1.000 réplicas de “bootstrap”, utilizando o melhor modelo de substituição de nucleotídeos TN93+G, no software MEGA 10. As cinco sequências deste estudo agruparam-se com o “Capybara group”, juntamente com outras quatro sequências de *Babesia goianiaensis* previamente descritas

em capivaras (três provenientes de Goiás e uma do Rio Grande do Sul), além de uma sequência *Babesia* sp. isolada de *Nasua nasua* no estado do Mato Grosso do Sul. Como perspectivas futuras, propõe-se a análise de outros marcadores moleculares, bem como o sequenciamento completo do gene 18S rDNA, com o objetivo de investigar a diversidade genética e as possíveis variantes de *Babesia goianiaensis* entre populações provenientes do estado de São Paulo e do Pantanal, em comparação com aquelas previamente descritas em outras regiões do país.

Palavras-chave: piroplasmida; zoonoses; epidemiologia; hemoparasitos; vigilância epidemiológica.