RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DIVERSIDADE DE BORRELIA SPP. EM CARRAPATOS EM FASE DE VIDA LIVRE NA REGIÃO DA GALÍCIA, NOROESTE DA ESPANHA

Julia Dos Santos Fonseca (juliafonseca@ufrrj.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Inês Abreu Ramos (inesisabelabreu@gmail.com)

José Ángel Hernández Malagón (joseangel.malagon@usc.es)

Rita Sánchez-Andrade Fernández (rita.sanchez-andrade@usc.es)

Jackson Victor De Araújo (jvictor@ufv.br)

Adolfo Paz-Silva (adolfo.paz@usc.es)

María Sol Arias Vázquez (mariasol.arias@usc.es)

Cristiana Filipa Cazapal Monteiro (cristiana.cazapal@usc.es)

Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)

A detecção de Borrelia spp. em carrapatos é de grande relevância para saúde pública, devido ao contato crescente entre humanos, animais domésticos, silvestres e seus carrapatos. A doença de Lyme é causada por bactérias do

gênero Borrelia, sendo considerada uma das zoonoses transmitida por vetores mais importantes do hemisfério norte, especialmente em regiões de clima temperado. A vigilância desses patógenos nesses vetores artrópodes é essencial para o monitoramento, avaliação de risco e implementação de estratégias preventivas. Nesse contexto, o presente estudo objetivou investigar a frequência e caracterização molecular de Borrelia spp. em DNA total extraído de carrapatos coletados em fase de vida livre na região da Galícia, noroeste da Espanha. As coletas ocorreram em 22 concelhos das províncias da Galícia: Lugo, Ourense, A Coruña e Pontevedra. Foram testados DNA total de 166 carrapatos de áreas de pasto no período de fevereiro a outubro de 2024 utilizando a técnica de arraste de flanela e encaminhados para identificação taxonômica. Dentre as espécies coletadas, 27 pertenciam à espécie Rhipicephalus sanguineus s.l., dois Rhipicephalus bursa, 23 Dermacentor marginatus, 27 Dermacentor reticulatus e 87 Ixodes ricinus. O DNA total dos carrapatos foi extraído utilizando o kit comercial da Roche®. A detecção molecular de Borrelia spp. foi realizada através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com alvo no gene flagelina B (flaB). As amostras positivas foram sequenciadas usando o método de SANGER. As sequências obtidas foram alinhadas utilizando o programa DNA Baser® v5.11.3 e submetidas a uma busca de homologia com outras sequências depositadas no GenBank utilizando a ferramenta BLASTn. Do total analisado, 10 (6,02%) apresentaram amplificação no gene flaB para Borrelia spp. Todos os carrapatos positivos pertenciam à espécie I. ricinus, com uma frequência de positividade de 11,5% dentro da espécie. Nenhuma outra espécie de carrapato apresentou positividade para Borrelia sp. utilizando PCR para o gene flaB. O sequenciamento do fragmento amplificado possibilitou a identificação de uma diversidade de cinco espécies de Borrelia. Foram identificados quatro carrapatos positivos para Borrelia garinii, um para Borrelia valaisiana, um para Borrelia myiamotoyi, três para Borrelia lusitaniae e um para Borrelia afzellii. Os resultados demonstram a circulação de espécies patogênicas de Borrelia spp. em I. ricinus na região, incluindo representantes do complexo B. burgdorferi sensu lato e B. miyamotoyi (grupo da Febre Recorrente). Esses achados reforçam a importância epidemiológica de I. ricinus como potencial vetor de agentes zoonóticos de relevância para a saúde única na região da Galícia.

Palavras-chave: dna; doença de lyme; borrelioses; pcr; zoonose.