

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**CIRCULAÇÃO DE RICKETTSIAS DO GRUPO DA FEBRE MACULOSA EM
CARRAPATOS DOS GÊNEROS IXODES, RHIPICEPHALUS E
DERMACENTOR EM FASE DE VIDA LIVRE NA GALÍCIA, NOROESTE DA
ESPANHA**

Julia Dos Santos Fonseca (juliafonseca@ufrj.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)

Douglas McIntosh (pus972@gmail.com)

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

As rickettsias do grupo febre maculosa (RGFM) têm potencial de causarem doença grave em humanos, como *Rickettsia rickettsii* (Febre Maculosa Brasileira), *Rickettsia conorii* (Febre Botonosa ou maculosa do Mediterrâneo) e *Rickettsia slovaca*, na Europa e África. A caracterização molecular desempenha um papel crucial na identificação desses agentes, servindo como uma ferramenta essencial para a discriminação e compreensão das diferentes espécies e linhagens. Nesse contexto, no presente estudo objetivou detectar por PCR e sequenciar o DNA de *Rickettsia* spp. para identificar as espécies circulantes em carrapatos coletados em fase de vida livre na região da Galícia, noroeste da Espanha. Os carrapatos foram coletados em áreas de pastagem no período de fevereiro a outubro de 2024, utilizando a técnica de arraste de flanela, e identificados por meio de chave taxonômica. As coletas ocorreram em 22 concelhos das províncias da Galícia: Lugo, Ourense, A Coruña e Pontevedra. O DNA total dos carrapatos foi extraído utilizando o kit comercial Roche®. A detecção molecular de *Rickettsia* spp. foi realizada através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) com amplificação de um fragmento de 835 pb do gene *gltA*. 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. Foram utilizados 166 carrapatos identificados como pertencentes às espécies *Ixodes ricinus* (87/52,4 %), *Rhipicephalus sanguineus* s.l. (27/16,3 %), *Rhipicephalus bursa* (2/1,2 %), *Dermacentor marginatus* (23/13,8 %) e *Dermacentor reticulatus* (27). Ao todo, 39 (23,5%) carrapatos amplificaram no gene *gltA* para *Rickettsia* spp. O sequenciamento do fragmento amplificado possibilitou a identificação de 13 carrapatos, dos quais cinco foram *D. reticulatus* e oito *D. marginatus*, todos positivos para *Rickettsia raoultii*, com uma identidade de 100% (MT150586). Além disso, foram identificados quatro carrapatos, sendo três *D. marginatus* e um *I. ricinus*, positivos para *Rickettsia slovaca*, com uma identidade de 99,8% (MT293345). Oito carrapatos *R. sanguineus* foram identificados como positivos para *Rickettsia massiliae*, com identidades variando de 99,8% a 100% (OM793610). Além disso, cinco carrapatos, especificamente dois *D. reticulatus* e três *D. marginatus*, demonstraram uma identidade de 98,35 a 98,48% com *R. raoultii* e *Rickettsia*

connorii. Este resultado destaca a limitação do gene gltA em diferenciar espécies que são filogeneticamente muito próximas. Esses achados ressaltam a circulação ativa desses agentes e evidenciam o risco potencial de transmissão na região da Galícia.

Palavras-chave: dna; febre maculosa; rickettsioses; pcr; zoonose.