



DETECÇÃO DE PATÓGENOS CANINOS EM ANIMAIS SILVESTRES DE VIDA LIVRE NO SUL DO BRASIL

AGNES*, Isadora²; PAZ, Francini Rosa¹; DA SILVEIRA, Vinicius Proenza^{1,2}; STRECK, André Felipe³; LUNGE, Vagner Ricardo^{1,2}.

Palavras-chave: silvestres, Parvovírus, Ehrlichia, Babesia.

Introdução

A transmissão de patógenos (protozoários, bactérias e vírus) entre espécies já foi relatada em muitos trabalhos^A. A coleta em animais domésticos e silvestres atropelados é uma alternativa para obter amostras e identificar agentes patogênicos, como por exemplo, *Babesia vogeli*, *Ehrlichia canis*, *Leishmania infantum* e o Parvovírus canino 2 (CPV-2), para que desta forma seja possível realizar um estudo epidemiológico interespecies.

Objetivos

O presente estudo possui a finalidade de identificar agentes patogênicos (*B. vogeli*, *E. canis*, *L. infantum* e CPV-2) em animais silvestres e domésticos atropelados, próximo da região metropolitana de Porto Alegre.

Material e Métodos

Inicialmente foi realizado um levantamento dos mamíferos atropelados na RS-040 (estado do Rio Grande do Sul) entre abril de 2018 e março de 2019. Foram realizadas 33 viagens, percorrendo um total de 5.280 quilômetros. Os animais atropelados eram identificados, fotografados e sua localização geográfica era anotada por GPS. Os animais que apresentavam um baixo grau de decomposição eram necropsiados *in loco* e fragmentos de órgãos eram coletados e refrigerados e consequentemente congelados em -14°C. Ectoparasitas eram coletados quando visualizados. O DNA das amostras foi extraído pelo método de sílica e em seguida realizados a amplificação do material por qPCR para os patógenos em questão conforme descrito na literatura^{B,C,D}.

Resultados e Conclusões finais

Foram observados um total de 486 animais atropelados. Todos os mamíferos foram classificados em 4 classes, 22 ordens, 38 famílias e 51 gêneros/espécies. Foram necropsiados um total de 31 mamíferos silvestres e 6 cães domésticos, sendo que 28 desses corpos totais foram encontrados em áreas rurais. Foram encontrados carrapatos em 7 animais, dado que 4 eram gambás-de-orelha-branca, 2 graxains do mato e um graxaim do campo. Os carrapatos foram identificados como *R. sanguineus*, *Amblyomma* e *Ixodes*. Os mamíferos silvestres foram negativos para *B. vogeli*, *E. canis* e *L. infantum*, já o DNA de CPV-2 foi amplificado em 5 animais (três gambás, um graxaim do campo e uma ratazana). Ainda, os seis cães não foram detectados com *B. vogeli* e *L. infantum*, mas um cão foi positivo para *E. canis* e quatro para CPV-2. A identificação do DNA de *Ehrlichia canis* ainda não havia sido reportada na

¹Programa de Pós-graduação em Biologia Celular e Molecular aplicada à saúde, Laboratório de Diagnóstico Molecular, Universidade Luterana do Brasil, Canoas, RS, Brasil.

²Curso de Medicina Veterinária da Universidade Luterana do Brasil, Canoas, RS, Brasil.

³ Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Universidade de Caxias do Sul, Caxias do Sul, RS, Brasil.

região, dado isto, este é o primeiro achado por métodos moleculares no Rio Grande do Sul do agente. Esta descoberta é motivo de preocupação para os animais silvestres, uma vez que estes podem estar em contato com cães errantes, já que os atropelamentos ocorreram na mesma área. O roedor positivo provavelmente contraiu o agente onde algum animal doente estava presente. Para nosso conhecimento esta é a primeira identificação de CPV-2 em roedores pelo método de PCR.

^ACunningham AA, Daszak P, & Wood JL. (2017) One Health, emerging infectious diseases and wildlife: two decades of progress? *Philosophical Transactions of the Royal Society Biological Sciences*. 372 (1725): 20160167; <https://doi.org/10.1098/rstb.2016.0167>

^BFrancino O, Altet L, Sanchez-Robert E, Rodriguez A, Solano-Gallego L, Alberola J, et al. (2006) Advantages of real-time PCR assay for diagnosis and monitoring of canine leishmaniosis. *Veterinary Parasitology*. 137 (3-4): 214-221; <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2006.01.011>

^CPeleg O, Baneth G, Eyal O, Inbar J, & Harrus S. (2010) Multiplex real-time qPCR for the detection of *Ehrlichia canis* and *Babesia canis vogeli*. *Veterinary Parasitology*. 173 (3-4): 292-299; <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.06.039>

^DStreck AF, Rüster D, Truyen U, & Homeier T. (2013) An updated TaqMan real-time PCR for canine and feline parvoviruses. *Journal of Virological Methods*. 193(1): 6-8; <https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2013.04.025>