

## **SUB-ÁREA: Diagnóstico Molecular, Bacteriológico e Sorológico da Leptospirose**

### **Diferenciação de *Leptospira* spp. de cães resgatados das enchentes na Região Metropolitana do Rio Grande do Sul a partir do sequenciamento do gene secY**

Laura Cadó Nemitz<sup>1</sup>, Gabriela Merker Breyer<sup>1</sup>, Rafaela da Rosa Marques<sup>1</sup>, Maria Eduarda Dias<sup>1</sup>, Maria Eduarda Rocha Jacques da Silva<sup>1</sup>, Louise Thomé Cardoso<sup>1</sup>, Franciele Maboni Siqueira<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Bacteriologia Veterinária, Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Brasil

A leptospirose é uma zoonose causada por bactérias do gênero *Leptospira*. A identificação dos sorogrupo circulantes é uma importante ferramenta epidemiológica, sendo usualmente realizada por teste sorológico. No entanto, abordagens moleculares para a diferenciação dos sorogrupo de *Leptospira* vêm sendo desenvolvidos e podem ser úteis em situações em que o diagnóstico sorológico não é possível. Entre maio e junho de 2024, o Laboratório de Bacteriologia Veterinária da Universidade Federal do Rio Grande do Sul diagnosticou oito casos de leptospirose canina por qPCR através do kit comercial LPTAmp (*Simbios Biotecnologia*) na plataforma *QuantStudio™ 3 Real-Time PCR System* em animais que tiveram contato com água contaminada durante as enchentes. Posteriormente, o gene secY destas amostras foi analisado. Inicialmente, realizou-se uma nested PCR para amplificação parcial do gene secY. Os produtos da PCR foram purificados através de kit comercial e submetidos a sequenciamento pelo método de Sanger. As sequências foram analisadas com BLAST e constatou-se similaridade com *L. interrogans* em sete amostras e *L. kirschneri* em uma amostra. Estas, no programa MEGA, foram alinhadas com 33 sequências de sorogrupo das espécies *L. interrogans* e *L. kirschneri* recuperadas do banco de dados do NCBI. A árvore filogenética foi construída através do método *neighbor-joining* e do modelo Tamura-3-parameter. Para enraizamento da árvore filogenética, uma sequência de secY de *L. borgpetersenii* foi incluída. Na filogenia, formaram-se dois clados bem definidos diferenciando as duas espécies analisadas. A única amostra da espécie *L. kirschneri* mostrou-se diferente filogeneticamente das *L. interrogans* como esperado. Porém, não agrupou com as demais sequências da mesma espécie, pertencentes aos sorogrupo *L. kirschneri* Pomona e Gryppotyphosa incluídos na análise, sugerindo se tratar de outro sorogrupos. Quanto às sete *L. interrogans*, quatro agruparam no subclado do sorogrupos Icterohaemorrhagiae indicando pertencer a este grupo e três se mostraram filogeneticamente próximas aos sorogrupo Pomona e Canicola, porém sem uma diferenciação clara entre os mesmos em razão do baixo número de sequências encontradas no banco de dados. Estes dados permitiram determinar a circulação de *L. interrogans* e *L. kirschneri* na Região Metropolitana de Porto Alegre durante as enchentes de 2024 e inferir sobre os sorogrupo circulantes, que auxiliam no entendimento da patogenia e epidemiologia da doença.

**Palavras-chave:** leptospirose; diagnóstico molecular; Sanger.