**Caracterização molecular de *Hepatozoon canis* em Portugal**

Sara Zúquete1,2, Paula Gazalle1,2,3, Adriana Belas1,2,4,5, Joana Fonseca4, André Pereira4,5,6, David W. Ramilo1,2,4, Ana Munhoz2,4,7, Inês L.S. Delgado1,2,4

1CIISA – Centro de Investigação Interdisciplinar em Sanidade Animal, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal

2Laboratório Associado para Ciência Animal e Veterinária (AL4AnimalS), Portugal

3Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Brasil

4Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Lusófona, Lisboa, Portugal

5Escola Superior de Saúde, Proteção e Bem Estar Animal, Instituto Politécnico da Lusofonia, Lisboa, Portugal

6Global Health and Tropical Medicine, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade NOVA de Lisboa, Lisboa, Portugal

7CECAV – Centro de Ciência Animal e Veterinária, Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro (UTAD), Vila Real, Portugal

**Objectivos**: Foram detetados gamontes, suspeitos de *Hepatozoon* *canis*, no sangue periférico de uma cadela que se apresentou no Hospital Escolar da Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade Lusófona. *Hepatozoon* *canis* é um protozoário transmitido por vetores que afeta o cão doméstico, adquirido através da ingestão de carraças infetadas, que tem vindo a ser detetado em Portugal desde 1988. Contudo, o conhecimento sobre as suas características moleculares é vago. Este estudo pretendeu analisar a composição molecular do gene da pequena subunidade do RNA ribossomal (18S-rRNA) de *H. canis* relatado em Portugal.

**Materiais e Métodos**: Foi extraído DNA para amplificar uma região do 18S-rRNA por PCR e o amplicão foi sequenciado pelo método de Sanger. Foram obtidas da base de dados GenBank as sequências de 18S-rRNA de *H. canis* reportadas em Portugal, assim como sequências de *H. canis* reportadas em outros países e sequências de outras espécies para análise filogenética. As sequências foram alinhadas pelo método MAFFT G-INS-i e foi construída uma árvore por inferência filogenética baseada em máxima verosimilhança. Foi estimada a percentagem de identidade entre sequências *H. canis* com a ferramenta SIAS.

**Resultados**: A análise da sequência pela ferramenta Blastn sugere que se trata de *H. canis* (99.82% identidade e 100% cobertura, MK091088). Após eliminação de sequências redundantes, obteve-se 4 sequências distintas que foram comparadas com a obtida no presente estudo. Estas sequências mostraram um alto grau de identidade que variou entre 93% e 100%. A árvore filogenética mostra uma clara separação entre as sequências de *H. canis* e as sequências das restantes espécies, contudo não evidencia nenhum subgrupo dentro das sequências *H. canis*.

**Conclusões**: A análise do gene 18S-rRNA verificou homogeneidade das sequências de *H. canis* reportadas em Portugal e não detetou diferenças significativas entre estas e as sequências de *H. canis* detetadas em outros países.

**Palavras chave**: *Hepatozoon canis*; Portugal; Filogenia; 18S-rRNA.

**Financiamento**: Projeto exploratório DeVPat - Projetos de Investigação da Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade Lusófona 2022.