



**XI CONGRESSO DA SOCIEDADE PAULISTA DE
PARASITOLOGIA**
“Parasitologia Translacional: Da Pesquisa Básica a Saúde Pública”
10 a 12 de abril de 2026 – São Paulo (SP)

**COMPARAÇÃO cPCR/qPCR na DETECÇÃO DE *Leishmania infantum* EM CÃO
COM LEISHMANIOSE VISCERAL CANINA**

Gabriel de Freitas Ferrari Rodrigues^{1,4*}; José Eduardo Barbosa Marques Junior²; Felipe Trovalim Jordão³; Márcia Aparecida Sperança³; Wanderleyson Uchôa Abreu³; Vera Lúcia Fonseca de Camargo-Neves⁴; Karin Kirchgatter^{1,4}

¹ Programa de Pós-Graduação em Doenças Infecciosas e Saúde Global, Faculdade de Medicina, Universidade de São Paulo, 05403-000, São Paulo, Brasil.

² Setor de Controle de Vetores da Secretaria de Saúde de Guaratinguetá, 12500-001, Guaratinguetá, São Paulo, Brasil;

³ Centro de Ciências Naturais e Humanas, Universidade Federal do ABC, 09606-070, São Bernardo do Campo, São Paulo, Brasil.

⁴ Instituto Pasteur, 01027-000, São Paulo, Brasil;

*Autor correspondente: gfferrari@usp.br

A leishmaniose é uma zoonose causada por protozoários do gênero *Leishmania*, transmitida no Novo Mundo principalmente pela picada de flebotomíneos do gênero *Lutzomyia*. Na forma visceral humana (LVH), o cão doméstico desempenha papel central como principal reservatório no ciclo urbano de transmissão. Além disso, pode desenvolver a forma clínica sistêmica da infecção, denominada leishmaniose visceral canina (LVC). A infecção canina apresenta caráter sistêmico, com distribuição parasitária variável, o que pode impactar a sensibilidade dos métodos diagnósticos a depender do tipo amostral coletado. Neste estudo, comparamos duas técnicas moleculares para a detecção do parasita em diferentes tipos de amostras. As amostras foram coletadas em necropsia de um cão com diagnóstico clínico e sorológico prévio para LVC (TR-DPP/ELISA), incluindo diferentes tecidos, swabs de lesões e sangue periférico e visceral armazenados em FTA. O DNA genômico foi extraído utilizando kit comercial (Promega®) sendo posteriormente submetido a PCR convencional (cPCR), com alvo no gene SSU rDNA, confirmado por sequenciamento, e PCR em tempo real (qPCR), direcionada ao gene GH18-quitinase, ambos para detecção de *Leishmania infantum*. Um total de 16 amostras foram coletadas, sendo 68,75% (11/16) positivas na cPCR e 43,75% (7/16) na qPCR. Seis amostras apresentaram positividade em ambas as técnicas: fígado, punch nasal, sangue periférico e swabs de lesão de cauda, plano nasal e orelha. Cinco amostras foram positivas exclusivamente na cPCR (medula óssea, swab de lesão de membro pélvico direito, swab de lesão de membro torácico esquerdo, swab conjuntival e sangue esplênico), enquanto o swab de lesão de membro pélvico esquerdo apresentou positividade apenas na qPCR. As amostras de rins, linfonodo e pulmões foram negativas em ambas as técnicas. Os resultados revelaram maior positividade na cPCR, possivelmente associada ao uso de um alvo nuclear de múltiplas cópias (SSU rDNA) em comparação ao alvo de cópia única (GH18-quitinase) na qPCR, o que pode conferir menor sensibilidade nesta última. As diferenças de positividade entre as amostras e as técnicas utilizadas reforçam a influência do tipo amostral na detecção do parasita e evidenciam que a escolha do alvo molecular pode impactar significativamente o desempenho do diagnóstico na LVC.

Palavras-chaves: SSU rDNA; GH18-quitinase; diagnóstico molecular.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)/
Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).