



**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)

**PERFIL DE EXPRESSÃO GÊNICA ASSOCIADA À FALHA TERAPÊUTICA
EM *Leishmania infantum* DE LEISHMANIOSE VISCERAL CANINA**

**Jonathan Braga Moreira Bezerra^{1,2}; José Eduardo Tolezano³; Samanta Etel Treiger
Borborema^{1,2,3*}**

¹ Programa de Pós-graduação, Coordenadoria de Controle de Doenças, Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo, SP, Brasil;

² Laboratório de Novos Fármacos para Doenças Negligenciadas, Centro de Parasitologia e Micologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil,

³ Núcleo de Parasitoses Sistêmicas, Centro de Parasitologia e Micologia, Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP, Brasil.

*Autor correspondente: samantaborborema@gmail.com

A leishmaniose visceral (LV), causada por *Leishmania infantum*, é uma antroponose de relevância em saúde pública, tendo os cães como principais reservatórios urbanos. Não há vacinas disponíveis e a quimioterapia é a única opção de tratamento. Além disso, o arsenal terapêutico é limitado, e sua eficácia está comprometida pelo aumento das taxas de falha do tratamento e resistência aos fármacos. A caracterização de perfis de suscetibilidade ou resistência pode ser realizada por meio de abordagens fenotípicas e moleculares, que exigem o isolamento e cultivo do parasito. Este estudo investigou a expressão de genes associados à falha terapêutica em *L. infantum* de cães naturalmente infectados de regiões endêmicas do Estado de São Paulo. Oito espécimes clínicos (aspirados de baço ou linfonodo) foram coletados de cães eutanasiados entre 2024 e 2025. O RNA total foi extraído, qualificado por espectrofotometria e quantificado por fluorimetria, seguido de RT-qPCR. Foi avaliado o perfil de expressão relativa de nove genes alvo (ABCF, AQP1, CYTB, LPP, PGM, MRPA, TCP, TR, TRYP) e os genes referência foram determinados usando os programas geNorm e RefFinder. Os genes ATUB e GAPDH foram identificados para normalização da expressão dos genes alvo. Os genes AQP1, TR e TRYP apresentaram amplificação em todas as amostras, com aumento de expressão variando entre 20–487 vezes (AQP, proteína de membrana), 5–27 vezes (TR) e 2–84 vezes (TRYP, enzimas do metabolismo oxidativo). A superexpressão de TR e TRYP está associada à falha terapêutica, enquanto a elevação da expressão de AQP1 relaciona-se à maior suscetibilidade aos antimoniais pentavalentes. Embora os demais genes não tenham sido amplificados em todas as amostras, observou-se predominância de aumento de expressão. Conclui-se que a RT-qPCR é uma ferramenta sensível para quantificação da expressão gênica diretamente no espécime clínico, contribuindo para o monitoramento de resistência aos tratamentos, aprimorando dados epidemiológicos da LV e o manejo de cães em áreas endêmicas.

Palavras-chaves: Resistência medicamentosa; Epidemiologia molecular; RT-qPCR.

Apoio: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).