RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

SARCOCYSTIS SPP. EM AVES MARINHAS DO LITORAL SUL DE SANTA CATARINA, BRASIL

Ana Paula Remor Sebolt (anapsebolt@gmail.com)

Felipe Rieth De Lima (feliperiethlima@outlook.com)

Francieli Maria Wilhelms (francieliwilhelms20@gmail.com)

Faiane Reila Sousa Centenaro Duarte (faianereila@gmail.com)

Larissa Vieira Mazzucco (mazzuccolarissa@gmail.com)

Andreas Lazaros Chryssafidis (andreas.ch@udesc.br)

Gabriela Cristine De Souza (gabrielacrissouza@univali.br)

Eduardo Macagnan (edu.macagnan2@gmail.com)

Pedro Volkmer De Castilho (pedro.castilho@udesc.br)

Fagner D'ambroso Fernandes (fagnermedvet@gmail.com)

Fernanda Silveira Flores Vogel (floresfefe14@gmail.com)

Anderson Barbosa De Moura (anderson.moura@udesc.br)

Sarcocystis spp. é um protozoário Apicomplexa, de distribuição mundial, que infecta uma ampla gama de hospedeiros, dentre mamíferos, aves e répteis. As aves, notadamente, são importantes hospedeiros para o protozoário. Este estudo avaliou 374 aves marinhas, necropsiadas pela Unidade de Estabilização de Fauna Marinha, vinculada ao Projeto de Monitoramento de Praias da Bacia de Santos (trecho 1), com o objetivo de detectar o DNA de Sarcocystis spp. em aves marinhas naturalmente infectadas no litoral Sul de Santa Catarina. Dentre as espécies analisadas estão 245 Spheniscus magellanicus, 64 Larus dominicanus, 15 Sula leucogaster, 18 Phalacrocorax brasilianus, 5 Sterna hirundinacea, 7 Procellaria aequinoctialis, 6 Puffinus, 6 Sterna hirundo, 2 Haematopus paliatus, 1 Diomedea epomophora, 1 Fregata magnificens, 1 Thalasseus acuflavidus, 1 Thalasseus maximus, 1 Macronectes giganteus e 1 Pachyptila vittata. Amostras de tecidos (Sistema Nervoso Central (SNC), fígado, musculatura esquelética, coração e pulmões) obtidas na necropsia das aves foram submetidas à extração de DNA pelo kit comercial DNeasy® Blood and Tissue. As reações de PCR foram realizadas utilizando iniciadores específicos para o gene 18S rRNA: 2L – Forward (GGATAAACCGTGGTAATTCTATG) e 3H – Reverse (GGCAAATGCTTTCGCAGTAG), os quais amplificaram um fragmento de aproximadamente 915 pb. Cada reação de PCR foi realizada em um volume total de 25 µL contendo tampão de PCR 5×, 10 mM de dNTPs, 10 pmol de cada iniciador, 1,5 U de Taq polimerase e 50 ng de DNA total. As condições utilizadas para a PCR do gênero Sarcocystis foram: desnaturação inicial a 94 °C por 2 min, seguida de 40 ciclos de 94 °C por 40 s, 56 °C por 50 s e 72 °C por 60 s, com uma extensão final a 72 °C por 6 min. Os produtos de PCR foram analisados por eletroforese em gel de agarose. Na PCR 11/374 aves foram positivas: 6/245 S. magellanicus (2,4%), 3/60 L. dominicanus (5,0%), 1/15 S. leucogaster (6,6%) e 1/18 P. brasilianus (5,5%). Os positivos, em sua maioria, eram fêmeas juvenis, diferente de outros estudos que observaram maior prevalência do parasito em machos adultos. Inúmeras espécies do gênero Sarcocystis têm aves marinhas como hospedeiro intermediário. Dentre elas, S. falcatula, que pode ocasionar lesões severas, especialmente no sistema respiratório. O presente estudo evidencia a circulação de Sarcocystis spp. no ambiente marinho, sendo necessários novos estudos para a caracterização molecular a nível de espécie.

Palavras-chave: sarcocistose; fauna marinha; detecção molecular.