RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE FILARIOIDES EM TATUS NO CENTRO-OESTE BRASILEIRO

Jovêncio Mateus Sada (jovencio.sada@unesp.br)

Danilo Kluyber (dkluyber@live.com)

Ana Cláudia Calchi (anaclau.calchi@gmail.com)

Daniel Antônio Braga Lee (lee.danielab@gmail.com)

João Vitor Dos Santos Alves Da Silva (joao-vitor.silva@unesp.br)

Mayara Grego Caiaffa (mayaracaiaffa@gmail.com)

Ana Carolina Monteirinho Lobo (carolina.mlobo@gmail.com)

Arnaud Léonard Jean Desbiez (adesbiez@hotmail.com)

Expedito José De Albuquerque Luna (eluna@usp.br)

Rosangela Zacarias Machado (rz.machado@unesp.br)

Julio A. Benavides (julio.benavides@ird.fr)

Marcos Rogério André (mr.andre@unesp.br)

Embora os tatus apresentem uma ampla variedade de interações com diversos agentes patogênicos e ectoparasitos que, aliadas às suas características fisiológicas e ecológicas, contribuem para que se tornem potenciais hospedeiros para uma ampla variedade de agentes patogênicos, poucos são os estudos que investigaram a ocorrência de tais agentes em mamíferos da Superodem Xenarthra no Brasil. O presente estudo objetivou investigar a ocorrência e identidade molecular de filarídeos em tatus de vida-livre amostrados no Pantanal do estado de Mato Grosso do Sul, Brasil. Para tal, foram analisadas 68 amostras de sangue de tatus, sendo 49 de tatus-peba (Euphractus sexcinctus) e 19 de tatus-canastra (Priodontes maximus). Após extração de DNA e positividade na PCR para o gene gapdh de mamíferos, foram realizados ensaios de PCR de triagem para filarídeos com base no gene mitocondrial cox1 (subunidade I da citocromo c oxidase). As amostras positivas foram adicionalmente submetidas ao ensaio de PCR direcionado ao gene 12S rRNA para caracterização molecular. Como resultado, 42,44% (29/68) das amostras de sangue mostraram-se positivas na PCR de triagem para filarídeos, sendo 25 (51%) para E. sexcintus e 4 (21%) para P. maximus. Das amostras positivas nos ensaios de triagem, 12/29 (41,37%) foram também positivas na PCR baseada no gene 12S rRNA. Na análise filogenética baseada no gene cox-1, as 5 e 1 sequências detectadas em tatus-peba e tatus-canastra, respectivamente, formaram um clado único, filogeneticamente associado a Onchocerca spp. Já na análise filogenética baseada no gene no 12S rRNA, as sequências detectadas posicionaram-se no mesmo clado de Filariidae sp. previamente detectado em Myrmecophaga tridactyla no estado do Mato Grosso do Sul. Trata-se da primeira detecção molecular de filarídeos em tatus. As análises filogenéticas baseadas em dois marcadores moleculares indicam a ocorrência de um clado distinto para filarídeos parasitos de mamíferos da Superordem Xenarthra.

Palavras-chave: nematódeos; diagnóstico molecular; xenartthra.