RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

CRYPTOSPORIDIUM SPP. EM REBANHOS DE PEQUENOS RUMINANTES NO SEMIÁRIDO BAIANO

Jaqueline Queiroz Amorim Brandão (amorimqueirozj@gmail.com)

Hllytchaikra Ferraz Fehlberg (ferrazhellen@hotmail.com)

João Kleber Damásio Dos Santos (jkdsantos.mev@uesc.br)

Cássia Matos Ribeiro (cassia.matos@hotmail.com)

Maria Eduarda Gonzaga Silva Castro (mariaeduardagsc2002@gmail.com)

Renata Joana Costa Cruz (rjccruz.mev@uesc.br)

Quercia Dos Santos Morais (qsmorais.mev@uesc.br)

George Rego Albuquerque (gralbu@uesc.br)

Cryptosporidium spp. é um dos agentes associados a problemas gastrointestinais em pequenos ruminantes, gerando impactos sanitários e econômicos. Sua transmissão ocorre pela via fecal-oral, por meio de oocistos infectantes eliminados no ambiente, que contaminam o solo e a água. O presente estudo objetivou investigar a presença de Cryptosporidium spp. em rebanhos caprinos e ovinos da região da Sisaleira, importante polo de criação

de pequenos ruminantes no semiárido da Bahia. Para tanto, foram utilizados 231 animais (35 ovinos e 196 caprinos) distribuídos em 17 propriedades rurais nos municípios de Valente e São Domingos. Inicialmente, a coleta das fezes foi realizada diretamente pela ampola retal, acondicionadas em sacos plásticos, identificadas, refrigeradas e transportadas ao Laboratório de Biotecnologia e Sanidade Animal (LABSA-UESC) para processamento. No laboratório, as fezes foram pesadas (220mg) acomodadas em microtubos de 1,5mL e a extração do DNA genômico foi realizada com o kit QIAamp® Fast DNA Stool Mini Kit, seguida de quantificação em nanodrop e amplificadas pela Reação em Cadeia da Polimerase e Nested/PCR. O gene alvo foi da subunidade ribossomal menor 18S RNA (SSurRNA) de Cryptosporidium spp., e os produtos foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1,5%, revelados com SYBR® safe e foto documentados. Amostras positivas foram purificadas e encaminhadas para sequenciamento na Rede de Plataformas Tecnológicas Fiocruz (RPT) – Bahia. Dentre os animais avaliados, 12,5% (29/231) eram jovens e 87,4% (202/231) adultos. O teste molecular Nested/PCR, identificou 3,4% (8/231) de positividade para Cryptosporidium spp., sendo 3,06% (6/196) caprinos positivos e 5,71% (2/35) ovinos positivos. O resultado do sequenciamento demonstrou similaridade genética entre 96 a 100% com as espécies C. parvum, C. xiaui, C. bovis e C. ubiquitum. Assim, o estudo demonstra a presença de diferentes espécies de Cryptosporidium em pequenos ruminantes na região Sisaleira da Bahia, incluindo formas com potencial zoonótico. Destaca-se a importância do monitoramento sanitário, adoção de medidas de controle e ampliação de estudos para prevenir a infecção e seus impactos.

Palavras-chave: produção animal; zoonose; cryptosporidiose; diagnóstico molecular.