

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DIAGNÓSTICO DE LEISHMANIA INFANTUM POR QPCR EM CARNÍVOROS
SELVAGENS ATROPELADOS NO ESTADO DE SÃO PAULO**

Jéssica Samara Reis (js.reis@unesp.br)

Patricia Parreira Perin (patricia.parreiraperin@unito.it)

Ana Luíza Franco (al.franco@unesp.br)

Lívia De Oliveira Andrade (livia.andrade@unesp.br)

Thaluya Ferreira Carvalho (tf.carvalho@unesp.br)

Fernanda Lefort (fernanda.lefort@unesp.br)

Erika Fruhvald (proferikasilvestres@gmail.com)

Fernanda Mara Aragão Macedo Pereira (fmamp.vet@gmail.com)

Lauro Leite Soares Neto (laurosoares@yahoo.com)

*Otávio Guilherme Gonçalves De Almeida
(ogalmeida@rp.ribeiraopreto.sp.gov.br)*

Paulo H. Peira Ruffino (phruffino@sp.gov.br)

Amir Reza Varzandi (amirreza.varzandi@unito.it)

Ezio Ferroglio (ezio.ferroglio@unito.it)

Stefania Zanet (stefania.zanet@unito.it)

Estevam Guilherme Lux Hoppe (lux.hoppe@unesp.br)

A Leishmaniose visceral é uma zoonose emergente negligenciada, causada por *Leishmania infantum*, transmitida por vetores flebotomíneos. A doença é tradicionalmente associada a ambientes rurais e silvestres, porém alterações antrópicas levaram à sua disseminação urbana. A antropização dos ambientes leva a aproximação de humanos e animais de companhia a áreas silvestres e favorece eventos de spillover de patógenos. O objetivo do trabalho foi realizar o diagnóstico de *Leishmania infantum* em carnívoros selvagens atropelados nas rodovias do estado de São Paulo. Para isso foram utilizadas amostras do baço de *Cercyon thous* (12), *Galictis cuja* (1), *Leopardus guttulus* (1), *Herpailurus yagouaroundi* (1), *Leopardus pardalis* (16), *Chrysocyon brachyurus* (8), *Procyon cancrivorus* (5), *Puma concolor* (11), *Nasua nasua* (1), *Lycalopex vetulus* (6), *Leopardus wiedii* (2), totalizando 64 animais de 18 cidades. Para a extração do DNA, foi utilizado kit comercial, seguindo o protocolo do fabricante. As amplificações por qPCR foram realizadas utilizando-se primers e probes direcionados à região conservada do minicírculo de kDNA de *L. infantum*, em uma reação contendo aproximadamente 80 ng de DNA molde, 750 nM de cada primer, 220 nM da sonda TaqMan-MGB e 1x TaqMan™ Universal PCR Master Mix, com água ultrapura adicionada para completar o volume final para 20 µL. Controles positivo e negativo foram usados para controle das reações. Os resultados da amplificação foram posteriormente analisados utilizando o software BioRad CFX Maestro. Todas as amostras testadas foram negativas para *L. infantum*. No estado de São Paulo a doença está em expansão com registro em humanos e em cães domésticos, principal reservatório em áreas urbanas, com transmissão associada ao *Lutzomyia longipalpis*, vetor de origem silvestre e adaptado a ambientes antropizados. A ausência de positivos em carnívoros selvagens do estudo, pode estar relacionado a fatores como a baixa prevalência do parasito nessas populações, a diferença de comportamento em relação ao uso do habitat e à menor exposição ao vetor, o que pode contribuir para uma menor taxa de infecção, quando comparado com espécies

domésticas. Ainda é necessário levar em consideração a baixa amostragem por espécie, o que diminui a sensibilidade dos resultados. Dessa forma, mesmo em regiões em que há a presença da doença em humanos e espécies domésticas, a ocorrência em selvagens pode ser mais limitada, o que não permite excluir a participação das espécies no ciclo epidemiológico de *L. infantum*. Para uma melhor compreensão da doença no contexto de saúde única, é necessário estudos com uma maior quantidade amostral.

Palavras-chave: ordem: carnívora; leishmaniose; parasito; ecologia de estradas.