RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

PESQUISA MOLECULAR DE TRYPANOSOMA CANINUM EM AMOSTRAS CUTÂNEAS DE CÃES DOMÉSTICOS E MAMÍFEROS SILVESTRES DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO: RESULTADOS PRELIMINARES

Diogo Dos Santos Maia (dm.patoclin@gmail.com)

Isadora Dos Santos Dias (isadorasdias100@gmail.com)

Olivia Zen Gianfrancisco (oliviazen.gianf@gmail.com)

Gabriela Kerem Apolinario Lopes (gabriela.keren18@gmail.com)

Ellen Meireles Brandão (ellenmeirelesvetcat@gmail.com)

Maiara Vasconcelos Monteiro (maiaraufpa2013@gmail.com)

Jônathan David Ribas Chagas (jonathanchagas@ufrrj.br)

Matheus Dias Cordeiro (mathcordeiro@hotmail.com)

Claudia Bezerra Da Silva (claudia_ufrrj@yahoo.com.br)

Bruna De Azevedo Baêta (babaeta@ufrrj.br)

Trypanosoma caninum (Trypanosomatidae, Trypanosomatida) é uma nova espécie de tripanossomatídeo descrita após isolamento em pele íntegra de cão

no Rio de Janeiro e, desde então, relatada em vários estados do Brasil. Cães infectados são geralmente assintomáticos e desenvolvem pouca resposta humoral, porém, a presença de T. caninum em áreas endêmicas para leishmaniose visceral canina (LVC) pode confundir o diagnóstico, com potencial impacto sobre programas de controle. A despeito de sua relevância, aspectos fundamentais relacionados ao ciclo biológico, vetores envolvidos, patogenicidade real para os cães, potencial relevância zoonótica e possível espectro de hospedeiros seguem pouco compreendidos, e muitas áreas de circulação de LVC não foram investigadas quanto à presença desse parasito. Além disso, até o momento, não foram encontrados relatos de investigação molecular de T. caninum em animais silvestres. Desta forma, o objetivo do estudo foi investigar a ocorrência de T. caninum em cães domésticos e mamíferos silvestres em dois municípios do estado do Rio de Janeiro. A pesquisa foi autorizada pela CEUA-IV/UFRRJ, sob os protocolos n° 5080290922 e n° 1270290724. Foram analisados 41 fragmentos de pele, sendo 24 de cães domésticos (Canis lupus familiaris) e 2 de cachorros-do-mato (Cerdocyon thous) provenientes de Volta Redonda-RJ, além de 15 amostras de capivaras (Hydrochoerus hydrochaeris) provenientes de Seropédica-RJ. Os fragmentos foram obtidos da região escapular com auxílio de punch para biópsia (3 mm). O DNA das amostras de capivaras foi extraído pelo método do fenol-clorofórmio, e das demais utilizando o kit comercial QIAmp® DNA Blood Mini (QIAGEN), seguindo as instruções do fabricante, com adaptações. As amostras foram submetidas à PCR convencional para o gene endógeno gapdh (400 pb), como controle da extração, e para o gene 18S rRNA (248 pb) de T. caninum. Os produtos da PCR foram separados por eletroforese em gel de agarose e visualizados em transiluminador UV. Não houve amplificação específica para T. caninum em nenhuma das amostras analisadas. Os achados sugerem circulação limitada do parasito nas áreas estudadas, incluindo animais silvestres. Embora não tenha havido detecção molecular de T. caninum neste estudo, vale ressaltar que isolamento do parasito em estudos anteriores foi obtido a partir de cães oriundos de município limítrofe com Volta Redonda, portanto, os resultados fornecem dados inéditos que ampliam o conhecimento acerca da distribuição do parasito em áreas endêmicas para LVC e de seus

possíveis reservatórios, reforçando a necessidade de investigações mais abrangentes.

Palavras-chave: leishmaniose visceral canina; tripanossomatídeos; epidemiologia; pcr convencional; reservatórios silvestres.