RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DETECÇÃO MOLECULAR DE SARCOCYSTIS SPP. EM AVES E MAMÍFEROS MARINHOS ENCALHADOS NO LITORAL DE SANTA CATARINA, BRASIL

Igor Cunha Lima Acosta (igorclacosta@gmail.com)

Rodrigo Martins Soares (rosoares@usp.br)

Adrian Pecina Sartorio (adrianp.sartorio@usp.br)

Marcos Toneto Francisco (tonetotenot@usp.br)

Marzia Antonelli (marzia.antonelli@ufrgs.br)

Cristiane Kolesnikovas (criskolesnikovas@gmail.com)

Carlos Prudencio (carlos.prudencio@butantan.gov.br)

Paulo José Fortes Villas Bôas (paulo.boas@unesp.br)

Parasitos da família Sarcocystidae são protozoários intracelulares obrigatórios capazes de infectar diferentes grupos de vertebrados, incluindo aves e mamíferos marinhos. Apesar de sua relevância sanitária e ecológica, informações sobre a circulação desses agentes em fauna marinha no litoral brasileiro ainda são escassas. Os animais incluídos neste estudo foram

atendidos pela Associação R3 Animal por meio do Projeto de Monitoramento de Praias da Bacia de Santos (PMP/BS), uma condicionante ambiental do IBAMA à Petrobrás para atividades de exploração e escoamento de petróleo e gás (ABIO 640/2015). O presente estudo teve como objetivo investigar molecularmente a ocorrência de coccídios da família Sarcocystidae em vertebrados marinhos encalhados no litoral de Santa Catarina, Brasil. Foram analisadas amostras de cérebro, rim, músculo esquelético e coração de aves das espécies Sula leucogaster (n=7), Larus dominicanus (n=2), Spheniscus magellanicus (n=2) e mamífero da espécie Arctocephalus gazella (n=1). O DNA extraído dos tecidos foi submetido a uma triagem molecular utilizando um sistema de detecção pan-sarcocistídeo baseado em nested PCR, direcionado aos genes ribossomais 18S e 5.8S que flanqueiam a região ITS1, permitindo a detecção de diferentes espécies pertencentes à família Sarcocystidae. As amostras positivas foram submetidas ao sequenciamento de DNA pelo método de Sanger para confirmação e identificação molecular dos fragmentos amplificados. Foram observadas bandas de aproximadamente 1000 pb nas amostras de aves e de cerca de 900 pb na amostra de mamífero marinho, padrões compatíveis com espécies do gênero Sarcocystis spp. As amplificações ocorreram principalmente em amostras de cérebro e músculo esquelético, não sendo observadas amplificações em rim. Não foram detectados resultados compatíveis com organismos da subfamília Toxoplasmatinae, embora o sistema diagnóstico empregado também permita a detecção de agentes desse grupo. Entre as aves analisadas, apenas uma amostra de S. leucogaster e uma de L. dominicanus não apresentaram amplificação. Todas as demais amostras aviárias positivas apresentaram sequência compatível com Sarcocystis falcatula. A amostra positiva de A.gazella apresentou sequência compatível com uma linhagem de Sarcocystis ainda não classificada, que tem sido descrita em tecidos de pinípedes e cetáceos no Japão, Canadá, Estados Unidos e Brasil. Os resultados demonstram a circulação de Sarcocystis spp. em vertebrados marinhos do litoral sul do Brasil e reforçam a necessidade de estudos adicionais voltados à caracterização molecular e à compreensão do papel epidemiológico desses agentes em ecossistemas marinhos.

Palavras-chave: sarcocystidae; protozoários; diagnóstico molecular; its1; fauna marinha.