RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE COCCÍDEOS (TOXOPLASMA GONDII, NEOSPORA CANINUM E SARCOCYSTIS SPP.) NO SISTEMA NERVOSO CENTRAL, OCULAR E MUSCULAR DE OVINOS (DADOS PRELIMINARES)

Maria Luísa Pitol Ramos (maria.pitol@unesp.br)

Alex Akira Nakamura (alex.nakamura@unesp.br)

Eduardo Da Silva Moura Melo (eduardo.sm.melo@unesp.br)

Maria Julia Hernandes De Freitas (mjh.freitas@unesp.br)

Michel Dos Santos Pinto (ms.pinto@unesp.br)

João Alfredo Biagi Camargo Neto (joao.alfredo@unesp.br)

Heitor Nobrega De Oliveira (heitor.nobrega@unesp.br)

Katia Denise Saraiva Bresciani (katia.bresciani@unesp.br)

Gustavo Felippelli (gustavo.felippelli@unesp.br)

Coinfecções por coccídeos acometem órgãos de predileção semelhantes, como o sistema nervoso central (SNC), e ocorrerem em hospedeiros definitivos

pertencentes ao mesmo grupo de espécies carnívoras, no ciclo presa-predador. O presente estudo investigou molecularmente três apicomplexos da família Sarcocystidae que compartilham o mesmo hospedeiro intermediário (ovinos): Toxoplasma gondii, Sarcocystis spp. e Neospora caninum, sendo os dois primeiros zoonóticos e o último importante agente associado a perdas reprodutivas em ruminantes, embora existam apenas relatos sorológicos em humanos. Foram seccionadas e processadas 100 cabeças de ovinos doadas pelo frigorífico municipal de São Manuel. As cabeças foram submetidas à secção para retirada do SNC (cérebro, cerebelo e tronco encefálico), sistema ocular (retina e humor aquoso) e tecidos musculares (masseter e língua). As amostras foram armazenadas a -20°C e, posteriormente, realizou-se a extração de DNA destas amostras. Foi aplicado um protocolo de nested-PCR direcionado à região 18S para pesquisa integrada de DNA da família Sarcocystidae (primers Tg18s48F, Tg18s359R, Tg18s58F e Tg18s348R), com alvo para T. gondii, Sarcocystis spp. e N. caninum. As amostras positivas foram purificadas a partir do gel utilizando o Kit QIAquick da Qiagen e posteriormente submetidas ao sequenciamento genético de Sanger. As sequências de nucleotídeos foram analisadas pelos programas CodonCode Aligner, BioEdit e BLAST. Os resultados de positividade no SNC foram os seguintes: cérebro 16,00% (IC 95%: 0,1010–0,2442), sendo 7,0% para T. gondii ou N. caninum e 11,0% para Sarcocystis spp.; cerebelo 19,00% (IC 95%: 0,1251–0,2778), com 12,00% para T. gondii ou N. caninum e 7,00% para Sarcocystis spp.; e tronco encefálico 21,00% (IC 95%: 0,1417–0,2998), sendo 12,00% para T. gondii ou N. caninum e 9,00% para Sarcocystis spp. Para masseter e língua observaram-se amostras positivas para Sarcocystis spp. em 54,00% (IC 95%: 0,4426–0,6344) e 57,00% (IC 95%: 0,4722–0,6627), respectivamente. No sistema ocular, os resultados demonstraram positividade na retina em 4,00% (IC 95%: 0,0157–0,0984), sendo 3,00% para T. gondii ou N. caninum e 1,00% para Sarcocystis spp., enquanto o humor aquoso apresentou 13,00% de positividade (IC 95%: 0,0776–0,2098), com 4,00% para T. gondii ou N. caninum e 9,00% para Sarcocystis spp. O sequenciamento genético de Sanger permitiu identificar a presença de Sarcocystis tenella em amostras de cérebro, cerebelo e tronco encefálico. A presença de DNA de S. tenella em humor aquoso e retina não é usualmente

descrita na literatura, destacando-se ainda a ocorrência de coinfecções por T. gondii e S. tenella em diferentes sistemas orgânicos.

Palavras-chave: zoonoses; saúde única; coinfecção; nested pcr.