RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

PRIMEIRA DETECÇÃO MOLECULAR DE BORRELIA SP. ASSOCIADA A MORCEGOS (MAMMALIA: CHIROPTERA) NA AMAZÔNIA OCIDENTAL: EVIDÊNCIA EM TECIDOS DE MORCEGOS EM RONDÔNIA, BRASIL

Lilith Helena De Castro Barroso (lilithbarroso21@gmail.com)

Fellipe Lorencetti Oliveira (fellipelorencetti@gmail.com)

Kamila Pereira De França (kamilafranca521@gmail.com)

Gabriel Moreira Valença (biologovalenca@gmail.com)

Ivaneide Nunes Da Costa (ivaneidekaleb2011@gmail.com)

Mizael Andrade Pedersoli (mizapedersoli@yahoo.com.br)

André De Abreu Rangel Aguirre (andre.aguirre@fiocruz.br)

As borrelioses compreendem um grupo de doenças infecciosas causadas por espiroquetas do gênero Borrelia, transmitidas majoritariamente por carrapatos. No Brasil, embora a ocorrência de borrelioses em humanos causadas por Borrelia burgdorferi grupo Lyme não seja confirmada, estudos recentes evidenciam a circulação de espécies relacionadas ao grupo das febres recorrentes em carrapatos da família Argasidae, e, mais recentemente, ao

grupo associado a morcegos, tanto em morcegos quanto em carrapatos Argasidae (argasídeos). Morcegos parecem desempenhar papel importante na manutenção desse novo grupo de Borrelia, e carrapatos argasídeos parecem ser importantes na manutenção e transmissão, embora o conhecimento acerca desse novo grupo seja ainda limitado. Apesar de registros em outras regiões do país, a ocorrência de Borrelia em morcegos permanece pouco explorada na Amazônia. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi investigar a ocorrência de Borrelia spp. em morcegos provenientes de duas unidades de conservação do bioma Amazônico: Estação Ecológica de Samuel, Candeias do Jamari/RO, e a Estação Ecológica Serra dos Três Irmãos, Porto Velho/RO. Foram analisadas 171 amostras biológicas de diferentes tecidos (encéfalo, rim, baço, fígado e coágulo sanguíneo) de 38 morcegos capturados nessas áreas. Os tecidos foram submetidos à extração de DNA por meio de kit comercial Cellco®, e detecção molecular por nested-PCR direcionada a um fragmento do gene flagelin B (flaB) de 354 pares de base (pb). Do total, 25 amostras (14,6%) apresentaram amplificação positiva em PCR, distribuídas entre baço (7/38; 18,4%), cérebro (9/37; 24,3%), rim (4/38; 10,5%), fígado (3/37; 8,1%) e coágulo (2/20; 10,0%). Todos os produtos de PCR foram purificados e submetidos ao sequenciamento genômico. As análises moleculares ainda estão em andamento, até o momento dois morcegos tiveram sequências com qualidade suficiente para revelar identidade compatível Borrelia sp. grupo morcegos, com valores de 100% de cobertura e variando de 97-99% de identidade com sequências de 356 pb das sequências MT154618 e MT154619 (números de acesso GenBank) em baço, rim e coágulo de um Carollia perspicillata, e em coágulo sanguíneo de um Phyllostomus hastatus. Destaca-se o espécime C. perspicillata, que apresentou positividade em múltiplos tecidos (baço, rim e coágulo), sugerindo disseminação sistêmica do agente, enquanto sugere-se fase aguda em P. hastatus. Esses achados preliminares reforçam o potencial papel dos quirópteros como reservatórios ou hospedeiros amplificadores de Borrelia sp. grupo morcegos e expandem de forma inédita a distribuição geográfica desse agente na América do Sul.

Palavras-chave: reservatórios; amplificadores; patógenos transmitidos por carrapatos; floresta tropical.