RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

DIAGNÓSTICO MOLECULAR E MORFOLÓGICO DE SARCOCYSTIS SP. EM ROEDORES SILVESTRES NO ESTADO DA BAHIA

Inês Dos Santos Pereira (ines.snto@gmail.com)

Kimberlly Sousa Silva Bomfim (kssbomfim.mev@uesc.br)

Gabriela Mota Sena De Oliveira (gabimpes@gmail.com)

Hllytchaikra Ferraz Fehlberg (ferrazhellen@hotmail.com)

Martin Roberto Del Valle Alvarez (malva@uesc.br)

Lucas José Luduverio Pizauro (ljlpizauro@uesc.br)

Rodrigo Martins Soares (rosoares@usp.br)

Alexandre Dias Munhoz (munhoz@uesc.br)

Protozoários do gênero Sarcocystis parasitam diferentes grupos de mamíferos, incluindo roedores sinantrópicos e silvestres, os quais atuam como hospedeiros intermediários (HI). Apesar da importância dos roedores como HI de Sarcocystis, estudos envolvendo a caracterização molecular e ultraestrutural em espécies silvestres brasileiras ainda são escassos. Assim, o presente estudo teve como objetivo investigar a prevalência de Sarcocystis spp. em 79 roedores

silvestres coletados nos municípios de Ilhéus e Contendas do Sincorá, no estado da Bahia. Foram analisadas individualmente amostras de quadríceps, língua e diafragma por meio de nested-PCR, utilizando os marcadores 18S rRNA, citocromo c oxidase subunidade I (COX-1) e primeiro espaço transcrito interno (ITS-1). Para análise morfológica dos sarcocistos, utilizou-se as técnicas de histopatologia e microscopia eletrônica de transmissão (MET). A prevalência de infecção foi determinada por nested-PCR direcionada ao gene 18S rRNA e 22,78% (18/79) dos roedores analisados foram positivos para Sarcocystis sp. Em relação às espécies, observaram-se as seguintes prevalências: Thrichomys laurentius (35,29%; 6/17), Nectomys squamipes (33,33%; 2/6), Wiedomys pyrrhorhinus (27,78%; 5/18), Akodon cursor (14,29%; 1/7) e Hylaeamys seuanezi (12,90%; 4/31). Pela histopatologia, os sarcocistos apresentaram formatos fusiforme e arredondado, com variação morfométrica entre os cortes longitudinais e transversais. Quanto ao sequenciamento genético, as sequências obtidas a partir dos marcadores 18S rRNA e COX-1 de dois indivíduos da espécie W. pyrrhorhinus tiveram alta similaridade com Sarcocystis halieti e Sarcocystis jamaicensis, respectivamente. Enquanto as sequências obtidas pelo 18S rRNA e COX-1 de um roedor da espécie H. seuanezi, tiveram similaridade com Sarcocystis dispersa e diversas sequências de Sarcocystis sp., respectivamente. Foi possível obter sequência completa pelo ITS-1 de apenas um roedor da espécie W. pyrrhorhinus, que na análise BLAST, apresentou maior identidade (98,38%) com homólogos de S. jamaicensis. A filogenia pelo ITS-1 revelou similaridade filogenética entre Sarcocystis glareoli, S. jamaicensis e o presente isolado. As espécies S. glareoli e S. jamaicensis foram identificadas utilizando aves rapinantes como hospedeiros definitivos (HD), assim inferimos que rapinantes possam atuar como HD deste isolado. A análise ultraestrutural de um sarcocisto localizado no músculo quadríceps da espécie W. pyrrhorhinus, revelou parede com espessura máxima de 1 μm, membrana vacuolar parasitófora exibindo ondulações irregulares e projeções vilosas em forma de coto. Este estudo representa o primeiro registro de caracterização molecular e ultraestrutural de Sarcocystis sp. em roedores silvestres pertencentes as famílias Cricetidae e Echimyidae no Brasil.

Palavras-chave: animais silvestres; hospedeiro intermediário; sarcocisto; ultraestrutura; caracterização molecular.