



Detecção molecular de *Leishmania sp.* em mamíferos

Thália Pacheco dos Santos, discente de Farmácia, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana
Taiane Acunha Escobar, Doutora pelo Programa em Pós-Graduação em Bioquímica, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana
Gabriela Döwich Pradella, mestranda do Programa Ciência Animal, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana
Rammy Vargas Campos, Residência pelo Programa de Residência Integrada na Medicina Veterinária, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana
Geórgia Góss Camargo, Mestre pelo Programa em Ciência Animal, Universidade Federal do Pampa, Campus Uruguaiana
Irina Lübeck, docente da Medicina Veterinária, Universidade Federal do Pampa

e-mail: thaliasantos.aluno@unipampa.edu.br

Leishmaniose é uma zoonose causada por protozoários do gênero *Leishmania sp.* A forma visceral é causada por *L. infantum*, e tem sido um problema de saúde pública. Diversas regiões do Brasil já apresentaram casos dessa enfermidade, e a Região Oeste do estado do Rio Grande do Sul não foi diferente. O acúmulo de matéria orgânica, a presença do vetor, o clima tropical e o grande trânsito de pessoas pela fronteira entre Brasil-Argentina-Uruguai, são alguns dos fatores que destacam a região como um local propício à infecção. Já foram descritos casos tanto em humanos como em cães, o que instigou a pesquisa de que outros mamíferos possam ser hospedeiros, como os equinos. Com isso, esse trabalho teve como objetivo a revisão dos diferentes dados encontrados durante a realização do projeto “Identificação e caracterização molecular de *Leishmania sp.* em animais domésticos”. Essa pesquisa foi aprovada pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Universidade Federal do Pampa – Campus Uruguaiana sob os números (22/2017, 14/2020). Utilizaram-se diferentes metodologias para a identificação de *Leishmania sp.* em cães e cavalos que viviam na área urbana e rural no município de Uruguaiana, Região Oeste do Rio Grande do Sul. As amostras foram analisadas nos laboratórios da Universidade Federal do Pampa, e as técnicas aplicadas foram à extração do material genético pelo método *salting out*, a Reação em Cadeia da Polimerase, sequenciamento de DNA e testes bioquímicos. Na zona rural, 7 equinos e 1 cão testaram positivo para *Leishmania sp.*, esses animais pertenciam a duas fazendas localizadas na mesma região, e próximas a rodovia em direção ao Uruguai. Já os cavalos que eram da área urbana, 75 testaram positivo. Eles pertenciam a 7 bairros registrados como endêmicos para leishmaniose. Os animais nesses dois estudos apresentavam-se assintomáticos. Em outros bairros que não havia registros de casos, 14 cavalos e 11 cães foram positivos, sendo que 5 de cada espécie apresentavam algum tipo de alteração clínica. Os equinos apresentavam lesões cutâneas, nódulos, linfadenopatia, diminuição de hemácias e aumento de uréia sérica, e os cães apresentaram diminuição no número de hemácias, aumento dos linfócitos e diminuição na proporção neutrófilos-linfócitos, esses sinais podem

estar relacionados com a doença. As amostras de todos os animais mencionados acima passaram por sequenciamento de DNA, e todas apresentaram similaridade com *L. infantum*. Esses estudos demonstraram o forte papel dos equinos como novos hospedeiros dessa enfermidade na região, semelhante a outros estudos em regiões da Europa e Brasil, sendo muito importante sua identificação para melhor compreensão de sua disseminação e controle. Os cães ainda são os reservatórios domésticos e principais hospedeiros dessa enfermidade, tendo papel importante na transmissão, por isso, esses estudos devem ter continuidade para aperfeiçoamento do diagnóstico e prevenção.

Agradecimentos: Agradecemos à FAPERGS/PPSUS 2017 pelo fomento para a realização desse projeto, assim como a Coleção *Leishmania* da Fundação Oswaldo Cruz (CLIOC-FIOCRUZ) pela doação das cepas de *Leishmania*, e o Ministério da Saúde pela doação dos Testes Rápidos.

Palavras-chave: leishmaniose; equinos; sequenciamento; endêmico; projeto.