

DETECÇÃO E EPIDEMIOLOGIA MOLECULAR DE *Leishmania infantum* EM TRÊS MUNICÍPIOS DO ESTADO DO PARÁ

Wallace Augusto Mesquita Alencar¹; Brena do Socorro Lima Castro²; Gilvando Rodrigues Galvão³; Evonnildo Costa Gonçalves²; Délia Cristina Figueira Aguiar².
¹Faculdades Brasil Inteligente-Faculdade Cosmopolita. ²Universidade Federal do Pará.
³Universidade Federal Rural da Amazônia.

A leishmaniose visceral é uma doença sistêmica grave e potencialmente fatal, que tem o cão como um dos principais reservatórios domésticos. Atualmente, os testes moleculares têm sido usados amplamente para o diagnóstico da doença, bem como para a identificação da espécie de *Leishmania*. A presente pesquisa teve como objetivo verificar a prevalência e a etiologia da leishmaniose canina em três municípios paraenses (Belém, Marabá e Colares), sendo o estudo aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa com Animais de Experimentação da UFPA com registro de parecer 80-2015. Foram analisadas amostras de sangue e secreção conjuntival de 130 animais quanto à presença de *Leishmania* sp. através da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e as frequências de detecção do DNA do parasita foram de 76% em Marabá (38/50), 53% em Belém (26/49) e 35,5% em Colares (11/31). A coleta das amostras em Colares se deu por busca ativa, em Marabá foi realizada no Centro de zoonoses. Em Belém foi realizada em clínicas veterinárias da cidade. Não foi encontrada relação entre a infecção e a idade, sexo e raça dos animais, porém houve associação entre a sintomatologia e a presença da infecção por *Leishmania* spp. As regiões Norte e Nordeste concentram o maior número de casos de leishmaniose visceral no Brasil. Em Marabá, os valores encontrados são semelhantes a outros estudos conduzidos em outros centros de zoonoses do país. A prevalência da infecção encontrada nos cães de Colares é semelhante a encontrada por Galeno *et. al.* (2017) em cães de São Luís – MA, que foi encontrada a prevalência de 37,7%. Os marcadores utilizados (*kDNA* e *SSUrDNA*) foram igualmente sensíveis na detecção do parasita, bem como os diferentes tipos de amostras biológicas. O sequenciamento dos produtos das PCRs de *SSUrDNA* indicaram a *L. infantum* como a única espécie do parasita nos três municípios pesquisados, sendo que entre todas as amostras sequenciadas, quatro apresentaram variação nucleotídica e uma com mutação de transição pirimídicas (C→T). Os polimorfismos encontrados podem refletir a presença de clones diferentes no mesmo animal ou ainda clones com aneuploidia. Porém, estudos adicionais utilizando marcadores menos conservados e um número maior de amostras devem ser realizados para indicar a real variabilidade da *L. infantum* que circulam nestes municípios.

Palavras-chave: leishmaniose canina, etiologia, epidemiologia molecular, Pará.