

Projeto de Pesquisa: BIODIVERSIDADE DE BLASTOCYSTIS SSP. PROVENIENTES DE AMOSTRAS FECAIS HUMANAS E DE CÃES DOS SEIS BIOMAS BRASILEIROS: CARACTERIZAÇÃO PARASITOLÓGICA E MOLECULAR

Linha de Pesquisa: USO SUSTENTÁVEL E CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DO PANTANAL, AMAZÔNIA E CERRADO

Descrição: Blastocystis spp. é um protista comumente diagnosticado em fezes humanas e de animais, como os cães, macacos, porco, gado, marsupiais, outros mamíferos e aves, verificando a importância como agente zoonótico. Vários trabalhos no mundo têm elucidado a etiologia do parasito entre os seres humanos assim como nos animais, por meio da subtipagem. Em contrapartida, no Brasil há a necessidade de realizar estudos de maior abrangência aplicados à saúde pública que mostram, do diagnóstico coprológico ao molecular, a real especificidade etiológica do agente que pode ter um papel importante na epidemiologia deste parasito. Para tanto, serão coletadas amostras fecais humanas e de cães dos seis biomas brasileiros: Amazônia, Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica, Pampa, Pantanal, sendo selecionadas quatro cidades por bioma, totalizando 24 municípios geograficamente distribuídos, onde em cada um destes serão coletadas 50 amostras de humanos e 50 amostras de cães, totalizando 2.400 amostras fecais (1.200 de humanos e 1200 de cães). As amostras humanas serão coletadas de pacientes atendidos pelos Hospitais Regionais e nos Programas de Saúde da Família - PSF's enquanto que as amostras fecais dos cães serão coletadas de animais oriundos de Centros de Controle de Zoonoses ou de clínicas veterinárias. As amostras coletadas serão preservadas em etanol a 96% e mantidas sob refrigeração a 4° C, para posteriormente serem analisadas por meio de três técnicas microscópicas (Exame direto; Hoffmann; Ritchie). Nas amostras positivas em pelo menos um dos exames coproparasitológicos será realizada pesquisa de Blastocystis spp. pela Reação em Cadeia pela Polimerase (PCR), com prévia extração de DNA. Em seguida, serão purificadas e submetidas ao sequenciamento de DNA em seqüenciador automático. Todas as seqüências obtidas serão submetidas no BLAST analysis, para verificar homologia com seqüências correspondentes disponíveis no GenBank, e desta forma, efetuar a identificação genética dos produtos amplificados.

Membros

ANTONIO FRANCISCO MALHEIROS

JEFFREY JON SHAW (Responsável)

Financiadores

FUNDACAO DE AMPARO A PESQUISA DO ESTADO DE SAO PAULO- (Auxílio à Pesquisa - Regular)