

APLICAÇÃO DA NESTED PCR NA DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *LEISHMANIA* SPP. EM CÃES DE UMA ÁREA COM PREVALÊNCIA DE INFECÇÃO

PEREIRA, MARCONY IAN MONÇÃO¹; RIBEIRO, SARA LUIZA RAMOS²; MENEZES, ELYTANIA VEIGA³.

¹ Aluno do curso de Ciências Biológicas Bacharelado - Universidade Estadual de Montes Claros

² Aluna do Doutorado em Biotecnologia - Universidade Estadual de Montes Claros

³ Professora orientadora do Departamento de Biologia Geral - Universidade Estadual de Montes Claros

RESUMO: A Leishmaniose Visceral (LV) é uma doença zoonótica causada pelo protozoário *Leishmania infantum*, com impacto significativo na saúde humana e veterinária. A LV representa um desafio para o controle epidemiológico, considerada endêmica em diversas regiões do Brasil, inclusive o estado de Minas Gerais. Os cães domésticos desempenham um papel essencial no ciclo de transmissão, como reservatórios e sentinelas, o que influencia diretamente o risco de infecção humana. Nesse contexto, a aplicação de métodos moleculares sensíveis e específicos é de extrema importância para a detecção e caracterização desses parasitas. Este estudo teve como objetivo empregar a técnica de Nested PCR para a detecção e identificação molecular das espécies de *Leishmania* spp. presentes em cães do município de Montes Claros, MG. Foram coletadas 55 amostras de sangue de cães no Centro de Controle de Zoonoses (CCZ) de Montes Claros, previamente diagnosticados com LV por testes sorológicos. A pesquisa foi autorizada pela Comissão de Ética em Experimentação e Bem-Estar Animal da Unimontes. O DNA das amostras foi isolado utilizando um kit comercial, conforme as instruções do fabricante. As amostras foram submetidas a Nested PCR com o uso de dois conjuntos de primers (Nested 1: R221 GGTTCTTTCCTGATTACG e R332 GGCCGTAAAGGCCGAATAG; Nested 2: R223 TCCATCGCAACCTCGGTT e R333 AAAGCGGGCGCGGTGCTG), conforme descrito na literatura. As sequências obtidas foram comparadas com dados de referência disponíveis no GenBank por meio da ferramenta BLASTn. Os resultados demonstraram que a técnica de Nested PCR apresentou boa sensibilidade na amplificação do DNA, permitindo a detecção de *Leishmania* spp. nas amostras analisadas. A análise por BLAST confirmou que todas as amostras apresentaram similaridade com *L. infantum*, achado corroborado por outros estudos realizados na região. Além disso, as amostras também apresentaram similaridade para outras espécies, como *L. amazonensis*, *L. donovani*, *L. major* e *L. mexicana*, indicando possíveis casos de coinfeção.

nos hospedeiros, o que implica maior complexidade na epidemiologia local e reforça a alta prevalência da infecção canina. A aplicação da Nested PCR mostrou-se fundamental para o alcance dos objetivos propostos, como maior sensibilidade e especificidade se comparada a métodos convencionais. Os resultados ressaltam a importância da utilização de ferramentas moleculares específicas no controle e monitoramento de LV em áreas endêmicas, como parte de estratégias de prevenção e diagnóstico mais eficazes.

AGÊNCIAS DE FOMENTOS: *Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais – FAPEMIG*

PALAVRAS-CHAVE: Leishmaniose visceral canina, Diagnóstico Molecular, NESTED PCR, Cães.