



SAMIRA SALIM MELLO GALLO

Programa de Pós-Graduação
em Ciência Animal

CONTATO:

samiragallo@yahoo.com.br

EMAIL:

samiragallo@yahoo.com.br

Samira Salim Mello Gallo

Edital externo UENFFAPERJ- E-26/201.869/2020

Colaborador da(s) disciplina(s): Graduação - Parasitologia Veterinária / Pós-graduação - Tópicos Avançados em Biologia, Morfologia e Diagnóstico de Protozoários de Importância em Medicina Veterinária e Saúde Pública

DOENÇAS PARASITÁRIAS NEGLIGENCIADAS NA VETERINÁRIA: DIAGNÓSTICO MOLECULAR EM ANIMAIS DE PRODUÇÃO

A elevada prevalência de infecções parasitárias provoca o desenvolvimento de patogenias que são quase sempre negligenciadas e esquecidas, já que os sintomas clínicos são inespecíficos ou confundidos com os de outras doenças, ficando os indivíduos parasitados por longos anos, de forma silenciosa e inaparente. Animais infectados mesmo quando não apresentam a sintomatologia clínica da doença deixam de produzir consideravelmente, afetando negativamente o sistema de produção. Este projeto tem como objetivo identificar molecularmente as principais protozooses zoonóticas, negligenciadas pela vigilância sanitária, em animais pecuários criados nas oito mesorregiões do Estado do Rio de Janeiro. Além disso, promover a saúde dos animais e humanos das diversas propriedades rurais. Para tanto, serão coletadas e analisadas fezes de bovinos, ovinos e suínos criados em propriedades rurais, além da água de consumo dos animais. As propriedades visitadas terão suas coordenadas demarcadas por um GPS e será criado um banco de dados com informações das propriedades e animais. Será feita a extração e quantificação de DNA de todas as amostras coletadas e posteriormente, estas serão examinadas pela PCR para diagnóstico de *Cryptosporidium* spp., *Giardia lamblia*, *Enterocytozoon bieneusi*, *Balantidium coli*, *Entamoeba* spp. e *Blastocystis* spp.. O produto da PCR das amostras positivas serão purificados com ExoSAP-IT e sequenciados pelo método Sanger. Em seguida as sequências serão analisadas pelo programa BioEdit e alinhadas no MEGA para realização da análise filogenética. Todas as sequências obtidas nesta pesquisa serão depositadas no GenBank. Será feita uma nova visita a cada propriedade para distribuição de folheto informativo e para o diálogo com os proprietários e funcionários sobre as protozooses que estão acometendo os animais, principais formas de contágio, como controlar e tratar os animais e como as pessoas que lidam com esses animais podem se prevenir de uma possível infecção.

NEGLECTED PARASITARY DISEASES IN VETERINARY: MOLECULAR DIAGNOSIS IN PRODUCTION ANIMALS

The high prevalence of parasitic infections causes the development of pathogens that are almost always neglected and forgotten, since the clinical symptoms are nonspecific or confused with those of other diseases, and individuals remain parasitized for long years, silently and inapparently. Infected animals, even when they do not present the clinical symptoms of the disease, fail to produce considerably, negatively affecting the production system. This project aims to molecularly identify the main zoonotic protozooses, neglected by health surveillance, in livestock raised in the eight mesoregions of the State of Rio de Janeiro. In addition, promoting the health of animals and humans in the various rural properties. For this, feces of cattle, sheep and pigs raised on rural properties will be collected and analyzed, in addition to the drinking water of the animals in order to reduce the dispersion of the parasites. The properties visited will have their coordinates marked by a GPS and a database will be created with information about the properties and animals. DNA extraction and quantification of all collected samples will be performed and later, they will be examined by PCR for diagnosis of *Cryptosporidium* spp., *Giardia lamblia*, *Enterocytozoon bieneusi*, *Balantidium coli*, *Entamoeba* spp. and *Blastocystis* spp.. The PCR product from positive samples will be purified with ExoSAP-IT and sequenced by the Sanger method. Then the sequences will be analyzed by the BioEdit program and aligned in the MEGA to perform the phylogenetic analysis. All sequences obtained in this research will be deposited on GenBank. A new visit will be made to each previously visited property for distribution of an information leaflet and for dialogue with the owners and employees about the protozooses that are affecting the animals, main ways of contagion, how to control and treating animals and how people who deal with them can prevent a possible infection.