

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o
Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o
Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a
Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U III Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a
Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Análise morfológica e molecular de helmintos parasitos de saguis (*Callithrix penicillata* e *Callithrix jacchus*)

Jeanne Campos de Sousa Gomes de Castro, Glauber Monteiro Dias, Leonardo Serafim da Silveira,
Bianca Cardozo Afonso, Clóvis de Paula Santos.

O conhecimento sobre a helmintofauna em saguis (*Callithrix penicillata* e *Callithrix jacchus*) introduzidos e que coabitam a área de ocorrência do ameaçado mico-leão-dourado é escasso. Tendo em vista a remoção e eutanásia de saguis como parte do manejo da população de saguis invasores na área de ocorrência do mico-leão-dourado e tendo em vista a dificuldade de ser preciso no diagnóstico helmintológico baseado na morfologia de ovos, este trabalho tem como objetivo identificar os helmintos achados em *C. penicillata* e *C. jacchus* oriundos de fragmentos florestais no entorno da Reserva Biológica de Poço das Antas. Para isso, os helmintos achados nos saguis necropsiados foram fixados em etanol 70%, processados para análise morfológica e ultraestrutural por microscopia óptica e eletrônica, respectivamente. Ademais, as regiões ITS1 e 2 (Internal Transcribed Spacer) dos genes do RNA ribossomal (RNAr) foram sequenciadas e analisadas por homologia por BLAST. A análise morfológica preliminar identificou 2 nematoides (*Primasubulura jacchi*, *Trypanoxyuris sceleratus*) e um Acanthocéfalo (*Prosthenorchis elegans*). O DNA genômico de *P. jacchi* e do *Haemonchus contortus* (nematóide referência) foram extraídos com o Qiamp DNA Mini kit (Qiagen) e as regiões ITS foram amplificadas por PCR usando primers NC5 e NC2 previamente descritos. A PCR de *P. jacchi* e *H. contortus* amplificaram um fragmento de ~1000pb e ~850pb, respectivamente, os quais foram sequenciados com BigDye terminator v.3.1 (Thermo Fisher Scientific). O BLAST da sequência do *H. contortus* confirmou a espécie com 99,5% de identidade. O sequenciamento do *P. jacchi* gerou duas sequências parciais de 450pb e 228pb que não se sobrepõe. O BLAST do fragmento de 450pb foi correspondente com a família subuluroidea. Não há sequência referência para o *P. jacchi* no banco do NCBI. Análises moleculares adicionais serão realizadas para os 3 organismos identificados, bem como a análise ultraestrutural. Espera-se estar contribuindo para o conhecimento da helmintofauna em saguis e agregando parâmetros moleculares de identificação das espécies de helmintos que possam ser aplicáveis ao diagnóstico de ovos via exame fecal.

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
Programa de pós Graduação em Biociências e Biotecnologia
Centro de Biociências e Biotecnologia
CAPES

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



U Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Morphological and molecular analysis of helminth parasites of marmosets (*Callithrix penicillata* and *Callithrix jacchus*)

Jeanne Campos de Sousa Gomes de Castro, Glauber Monteiro Dias, Leonardo Serafim da Silveira, Bianca Cardozo Afonso, Clóvis de Paula Santos

Knowledge about the helminth fauna in marmosets (*Callithrix penicillata* and *Callithrix jacchus*) introduced and that cohabit the area of occurrence of the threatened golden lion tamarin is scarce. Considering the removal and euthanasia of marmosets as part of the management of the population of invasive marmosets in the area of occurrence of the golden lion tamarin and in view of the difficulty of being accurate in the helminthological diagnosis based on the morphology of eggs, this work aims to identify the helminths found in *C. penicillata* and *C. jacchus* originating from forest fragments around the Poço das Antas Biological Reserve. For this, the findings of helminths in necropsied marmosets were fixed in 70% ethanol, and processed for morphological and ultrastructural analysis by optical and electronic microscopy, respectively. Furthermore, ITS1 and 2 (Internal Transcribe Spacer) regions of the ribosomal RNA (rRNA) genes were sequenced and homology was persistent by BLAST. The preliminary morphological analysis identified two nematodes (*Primasubulura jacchi* and, *Trypanoxyuris sceleratus*), and one Acanthocephala (*Prosthenorchis elegans*). Genomic DNA from *P. jacchi* and *Haemonchus contortus* (reference nematode) were extracted with the Qiamp DNA Mini kit (Qiagen) and the ITS regions were amplified by PCR using previously imported NC5 and NC2 primers. PCR of *P. jacchi*, and *H. contortus* amplified a fragment of ~1000bp and ~850bp, respectively, which were sequenced with BigDye terminator v.3.1 (Thermo Fisher Scientific). BLAST of the *H. contortus* sequence confirmed the species with 99.5% identity. Sequencing of *P. jacchi* generated two partial sequences of 450bp and 228 that did not overlap. The BLAST of the 450bp fragment was matched with the Subuluroidea family. There is no sequential reference to *P. jacchi* in the NCBI bank. Additional molecular analyzes will be performed for the 3 identified organisms, as well as ultrastructural analysis. It is expected to be confident in the knowledge of the helminth fauna in marmosets and adding molecular parameters for the identification of helminth species that may be prospective for the diagnosis of eggs via fecal examination.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

