Detecção de *Mycobacterium leprae* (Actinomycetales: Mycobacteriaceae) em diferentes tecidos de animais silvestres: resultados preliminares

Élderson M. S. Valois[1]; Amanda J. Finardi[1, 4]; David J. F. Silva[2]; Roberta V. M. Bronzoni[2]; Patrick R. Lázari[3]; Manoel dos Santos-Filho[3]; Ida M. F. D. Baptista[1],[4].

[1]Universidade Estadual Paulista (UNESP), [1] Programa de Pós-Graduação em Doenças Tropicais. Faculdade de Medicina de Botucatu (FMB). 18618-970 Botucatu, SP, Brasil. Email: ems.valois@gmail.com. (ILSL). [2]Universidade Federal de Mato Grosso, Hospital Veterinário/Laboratório de Biologia Molecular e Imunologia, Av. Alexandre Ferronato, 78.557-267 Cidade Jardim, Sinop, MT. [3]Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, Centro de Pesquisas em Limnologia, Biodiversidade e Etnobiologia do Pantanal – CELBE, Av. Santos Dumont S/N, 78.200-000, Cidade Universitária, Cáceres-MT. [4]Instituto Lauro de Souza Lima (ILSL). Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo,17039-800 Bauru, SP, Brasil. [3]Divisão de Pesquisa e Ensino, Instituto Lauro de Souza Lima.

Por muito tempo o *Mycobacterium leprae* (*M. leprae*) foi considerado um patógeno exclusivamente humano, assim como, o único reservatório do bacilo. Atualmente, tatus no sul dos Estados Unidos e outros animais silvestres em outras áreas do mundo são reconhecidos por abrigar *M. leprae*, podendo ser caracterizado um grande reservatório natural de infecção. Ainda não é claro quando ou onde os animais podem ter adquirido o bacilo. No entanto, a infecção parece ter evoluído por meios naturais e esses animais hoje apoiam a intensa transmissão de *M. leprae* nas comunidades. Investigou-se a presença de *M. leprae* em tecidos de animais silvestres utilizando a técnica de Real Time PCR para a amplificação dos genes RLEP e TTC21 por Real Time PCR (ensaio TaqMan). As amostras de DNA (10ng) foram extraídas de fígado (n=29), orelha (n=33) e baço (n=25) de animais selvagens. Amostras de *M. tuberculosis, M. avium* e *M. smegmatis* foram aplicadas como controles negativos do experimento. Dentre as 87 amostras avaliadas, 50,5% (44/87) foram positivas para TTC21, com a seguinte distribuição: 31,8% fígado, 43,1% orelha e 25% baço. Para a RLEP 57,4% (50/87) foram positivas, sendo 44% de amostras de fígado, 32% orelha e 24% baço. Os resultados evidenciaram que RLEP e TTC21 apresentaram o mesmo desempenho e, nenhuma amostra foi positiva para outras micobactérias, apesar de estarem frequentemente associadas ao ambiente natural destes animais, mostrando a especificidade das sequencias gênicas ao *M. leprae*. O uso dos marcadores TTC21 e RLEP, como *screening* de infecção por *M. leprae* nas amostras de tecido dos animais silvestres, favorece a investigação neste estudo de marcadores de variabilidade que contribuem para uma melhor compreensão das possíveis fontes não humanas de *M. leprae* e dos padrões de transmissão na população, possibilitando a implementação de estratégias de controle da hanseníase no Brasil.

Palavras chave: qPCR, RLEP, TTC21.