

Metodologia Molecular para Detecção do Risco de Malária Transmitida por Transfusão

Sabrina C. Cordeiro¹; Vanclei Gonçalves²; Raquel M. Pinto³; Emmanuelle M. Ribeiro⁴; Pryssila S. Klippel¹; Ana F. A. Parente²; Wuelton M. Monteiro⁵; Simone S. Weber^{4,6}

¹Fundação de Hematologia e Hemoterapia do Amazonas, Manaus, Amazonas. ²Instituto de Ciências Fisiológicas, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, Amazonas. ³Pós-Graduação em Ciências Aplicadas à Hematologia, Universidade do Estado do Amazonas, Manaus, Amazonas. ⁴Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia, Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara, Amazonas. ⁵Fundação de Medicina Tropical Dr. Heitor Vieira Dourado, Manaus, Amazonas. ⁶Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, Campo Grande, Mato Grosso do Sul

A malária é uma doença infecciosa causada por parasitas do gênero *Plasmodium*. No Brasil, a região Amazônica apresenta 99% dos casos anuais detectados, sendo considerada região de alto risco. A literatura aponta que, infecções assintomáticas são cerca de 4-5 vezes mais prevalentes em áreas endêmicas. O primeiro caso de malária transmitida por transfusão (MTT) foi relatada em 1911, e desde então, a descrição de casos assintomáticos em áreas de transmissão representa um desafio para as estratégias de controle. Nosso objetivo foi propor uma plataforma de triagem molecular para a detecção do risco de MTT no serviço de hemoterapia do Amazonas (HEMOAM). A pesquisa seguiu aspectos éticos. Os *primers* foram desenhados para detectar as cinco espécies do gênero *Plasmodium*, usando como alvo as sequências do gene 18S, o qual codifica a subunidade menor do RNA ribossomal. Os resultados não apontaram diferença nas extrações de frações sanguíneas (κ 1.0), ou seja, independente do componente sanguíneo usado no protocolo de extração de DNA genômico (sangue total, plasma, leucócitos ou hemácias), a técnica amplificou a região alvo de amostras positivas para malária (<5 parasitas/ μ L de sangue). A metodologia foi também avaliada através de ampliações em *pool* de 6 amostras, em concentrações igualitárias de DNA, onde cada *pool* apresentava uma amostra positiva e cinco negativas para malária. Foram testadas diluições seriadas de DNA obtido de paciente com *P. vivax* (*Pv*1+). Os dados obtidos comprovam a validade e a reprodutibilidade da plataforma de triagem molecular proposta, onde obtivemos 100% de acurácia e concordância nas análises prévias. A metodologia proposta permitiu a amplificação da região alvo em amostras diluídas até 10 vezes. No momento, amostras de doadores de sangue estão sendo testadas, a fim de determinarmos a existência do risco de MTT na rotina do serviço de hemoterapia do Amazonas. Serão ainda acrescentadas análises das diluições superiores de DNA (*Pv*1+), para definirmos o limite de detecção da metodologia molecular proposta neste estudo.

Palavras-chave: malária, hemoterapia, transfusão, PCR

Apoio: POSGRAD/FAPEAM/UEA, PAIC e PIBIC/FAPEAM/HEMOAM/UFAM