

## Resumo

**Caracterização genotípica de *Leishmania (Leishmania) infantum* proveniente de cães naturalmente infectados com leishmaniose visceral americana no Estado de São Paulo****Gabriela Motoie; Vera Lucia Pereira Chioccola (orientadora)**

Programa de Pós-Graduação em Ciências da Coordenadoria de Controle de Doenças – Secretaria de Estado da Saúde. São Paulo – Brasil, 2013.

**RESUMO**

Mesmo sendo reconhecida a importância da leishmaniose visceral (LV) no Brasil, a diversidade genética de *Leishmania (Leishmania) infantum* ainda é pouco estudada. Desta forma, o uso de marcadores microssatélites torna-se uma ferramenta importante para o estudo de genótipos de *Leishmania* em regiões endêmicas. O objetivo do presente estudo foi determinar o perfil genotípico de isolados de *L. infantum* provenientes de duas regiões do Estado de São Paulo (SP) analisando regiões hipervariáveis do DNA com marcadores moleculares microssatélites dinucleotídeos. Este estudo visa contribuir com informações sobre as possíveis origens dos parasitas, bem como a introdução e propagação da LV neste Estado. A genotipagem foi realizada com um conjunto de 17 marcadores microssatélites e o DNA foi extraído a partir de 250 amostras coletadas de cães diagnosticados com LV. Do total de amostras, 112 (45%) foram genotipadas: 67 da região noroeste (NWSP) e 29 da região sudeste (SESP) de SP. Os resultados foram comparados com outras 16 amostras do Estado de Mato Grosso do Sul (MS) que faz fronteira com NWSP. Embora uma pequena parte das amostras tenha sido genotipada, foi possível genotipar múltiplos loci utilizando pequenas quantidades de DNA de *Leishmania* extraídos diretamente a partir de tecidos de cães. Apesar de 33 genótipos diferentes terem sido detectados, um baixo polimorfismo foi encontrado nas amostras estudadas com somente 10 loci polimórficos. No presente estudo foram detectadas duas populações principais que circulam em SP com grande diferenciação genética. A POP-A é composta por amostras de SESP e NWSP. A outra pertence à população principal encontrada em MS (POP-B). A maioria dos genótipos dos parasitas de MS (93,75%) pertence à POP-B, com apenas uma amostra (6,25%) agrupada na POP-A. A POP-B também é composta por 10,34% das amostras de SESP e 26,87% de NWSP. Além de uma amostra de MS, a POP-A é composta por 73,13% de NWSP e 89,66% das amostras SESP. Todos estes dados em conjunto contribuem para a detecção do perfil genético de populações de *L. infantum* no Estado de SP.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Leishmania infantum*. Leishmaniose visceral. Repetições de microssatélites. Genotipagem.

---

*Abstract*

## ***Genotypic characterization of Leishmania (Leishmania) infantum from naturally infected dogs with American visceral leishmaniasis in the State of São Paulo***

**Gabriela Motoie; Vera Lucia Pereira Chioccola (orientadora)**

Programa de Pós-Graduação em Ciências da Coordenadoria de Controle de Doenças – Secretaria de Estado da Saúde. São Paulo – Brasil, 2013.

---

### **ABSTRACT**

Even though the importance of visceral leishmaniasis (VL) in Brazil is recognized, the genetic diversity of *Leishmania (Leishmania) infantum* is still poorly studied. Thus, the use of microsatellite analysis becomes an important tool for the study of genotypes of *Leishmania* in endemic regions. The aim of this study was to determine the genotypic profile of isolates of *L. infantum* from two regions of São Paulo State (SP) analyzing hypervariable regions of DNA with dinucleotide microsatellite markers. This study aims to contribute with information about the possible origins of the parasites, as well as the introduction and spread of VL in this State. Multilocus microsatellite typing (MLMT) was performed using a set of 17 microsatellite markers. DNA was extracted from 250 samples collected from dogs diagnosed with VL and 112 (45%) were genotyped: 67 from the northwest region (NWSP), and 29 from the southeast region (SESP) of SP. The results were correlated with other 16 samples from Mato Grosso do Sul State (MS) (which borders NWSP). Although, a small portion of samples was genotyped, it was possible to genotype multiple loci using small amounts of *Leishmania* DNA extracted directly from dog tissues. Despite the fact that MLMT analysis defined 33 different genotypes, a low polymorphism was detected within the parasites studied with 10 loci being polymorphic. There are two main populations circulating in SP with strong genetic differentiation, one (POP-A) is composed by samples from SESP and NWSP. The other, belongs to the same population found in MS (POP-B), which was the main one population. The majority (93.75%) of MS parasite genotypes belonged to POP-B, with just one sample (6.25%) grouped in POP-A. POP-B also comprised 10.34% of SESP and 26.87% of NWSP samples. Besides one sample from MS, POP-A is composed by 73.13% of NWSP and 89.66% of SESP samples. All these data together contributed to the detection of the genetic profile of *L. infantum* populations in SP State.

**KEYWORDS:** *Leishmania infantum*. Visceral leishmaniasis. Repeats microsatellite. Genotyping.