

VIII ENCONTRO DO INSTITUTO ADOLFO LUTZ

GENOTIPAGEM DE ISOLADOS DE *Toxoplasma gondii* PROVENIENTES DE PACIENTES COM TOXOPLASMOSE RESIDENTES NO ESTADO DE SÃO PAULO, BR.

Ferreira IMR, Mesquita RT, Pereira-Chioccola VL.

Laboratório de Biologia Molecular de Parasitas -. Instituto Adolfo Lutz, São Paulo, SP.
email: belle.f@ig.com.br

A toxoplasmose é uma infecção cosmopolita com uma pequena porcentagem de indivíduos desenvolvendo a forma clínica. Contudo, quando ocorre algum tipo de imunossupressão, como nos pacientes infectados com o vírus HIV, existe uma grande chance de ocorrer a reativação de infecção latente por *Toxoplasma gondii*, causando doença neurológica. A toxoplasmose congênita é um sério problema de saúde pública pelo alto índice de morbidade e mortalidade fetais quando mulheres adquirem a infecção durante o período gestacional. As análises genéticas de populações de *T. gondii* são de extrema importância médica para compreender os padrões epidemiológicos, as diferentes manifestações da doença e para servir de suporte para novas estratégias para vacinação, tratamento e diagnóstico. O presente estudo pretende conhecer a epidemiologia da toxoplasmose no Estado de São Paulo através da genotipagem de cepas provenientes de mulheres infectadas, durante o período gestacional, e pacientes com toxoplasmose cerebral e AIDS. Foram analisadas 22 amostras de DNA extraídas de sangue, líquido cefalorraquiano e líquido amniótico. Foram encaminhadas para o laboratório para realizar o diagnóstico molecular da toxoplasmose e apresentaram resultados positivos na PCR, utilizando-se os iniciadores B22 e B23 do gene B1 de *T. gondii*. As genotipagens foram determinadas por PCR-RFLP utilizando 12 marcadores genéticos: SAG1, SAG2 (5'-SAG2 e 3'-SAG2), SAG3, BTUB, GRA6, c22-8, c29-2, L358, PK1, novo SAG2, Apico e CS3. Os produtos de PCR foram digeridos com enzimas de restrição e analisados em gel de agarose por eletroforese. Foram utilizadas 9 cepas como controle (GTI, RH, PTG, ME49, CTG, VEG, COUGAR, MAS, TgCatBr5) que se inserem nos arquétipos clonais I, II e III. A análise genética mostrou que os 22 pacientes albergavam cepas polimórficas, concluindo-se que apresentam uma elevada taxa de recombinação entre os arquétipos I, II e III. Tais características podem estar correlacionadas com a severidade da doença observada em pacientes brasileiros.