

IDENTIFICAÇÃO DE MYCOBACTERIUM BOVIS EM LESÕES SUSPEITAS DE TUBERCULOSE BOVINA, ATRAVÉS DE TESTE MOLECULAR E MICROBIOLÓGICO

Autor(res)

Ricardo César Tavares Carvalho
Taís Ramalho Dos Anjos
Brenda Cardoso E Santos
Vinicius Silva Castro
Eduardo Eustáquio De Souza Figueiredo
Mariana Ignácio Dos Santos
Jade Gabriela Oliveira Nascimento

Categoria do Trabalho

Trabalho Acadêmico

Instituição

UNIC BEIRA RIO

Resumo

A tuberculose bovina (bTB) é ocasionada pelo *Mycobacterium bovis*, doença está caracterizada como zoonótica e clinicamente idêntica à tuberculose humana causada pelo *M. tuberculosis*, uma vez que estes dois agentes fazem parte do grupo identificado como complexo *M. tuberculosis* (CMT), grupo *Mycobacteriano* com alta similaridade genética entre si. Devido a elevada similaridade genética entre *M. bovis* e *M. tuberculosis*, a detecção por testes moleculares se torna mais específica para diferenciação das espécies, além de ser mais rápida, podendo ser realizada através da utilização de primers para o gene Rv2807, específico para CMT e gene TbD1, específico para *M. bovis*. Entretanto, o cultivo microbiológico ainda é considerado a técnica “padrão ouro” para detecção da doença, uma vez que permite detectar bacilos viáveis. O objetivo deste estudo foi identificar bTB por meio de nested q-PCR utilizando DNA extraído de lesões sugestivas de bTB e confirmar a viabilidade dos bacilos, através do cultivo microbiológico. Um total de 174 amostras de lesões suspeitas de bTB foram obtidas durante o abate em matadouros-frigoríficos no Estado de Mato Grosso - Brasil, por meio do Serviço de Inspeção Estadual e Federal (SISE e SIF). Foi realizada a extração de DNA diretamente das lesões, seguido da nested q-PCR para detecção de CMT e *M. bovis* e envio para cultivo bacteriológico. Do total de amostras analisadas, 23,6% (41/174) foram positivas para CMT e 70,8% foram positivas para *M. bovis* (29/41) através da nested q-PCR. Das 41 amostras positivas para CMT, foi identificado a viabilidade do bacilo em 56,1% (23/41), através do cultivo bacteriológico. Com o uso de nested q-PCR foi possível identificar bTB de forma rápida e específica. Já o cultivo microbiológico, embora permita avaliar a viabilidade do bacilo, é um método mais demorado, que leva até 90 dias para obter resultados, inviabilizando o auxílio no controle e erradicação da doença, pois, quanto mais rápido a detecção do animal positivo e identificação do foco da doença, mais rápido será realizado o saneamento da bTB na região, eliminando novos focos de bTB.