



UFRRJ



PROPPG  
Pro-Reitoria de Pesquisa  
e Inovação  
UFRRJ



**RAIC 21/22**  
IX Reunião Anual de  
Iniciação Científica

**RAIDTEC 21/22**  
III Reunião Anual de Iniciação em  
Desenvolvimento Tecnológico  
e Inovação

# Nossas Cientistas:

mulheres e ciência no Brasil,  
ontem e hoje



1. Carolina Maria de Jesus  
2. Bertha Lutz  
3. Maria Conceição  
4. Lella Gonzales  
5. Mayana Zatz  
6. Sonia Guimarães

## CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ISOSPORA COEREBAE (APICOMPLEXA: EIMERIIDAE), PARASITO DE COEREB FLAVEOLA (PASSERIFORMES: THRAUPIDAE)

IX Reunião Anual de Iniciação Científica da UFRRJ (RAIC 2021/2022) e III Reunião Anual de Iniciação em Desenvolvimento Tecnológico e Inovação (RAIDTEC 2021/2022) - UFRRJ, 0ª edição, de 15/05/2023 a 19/05/2023  
ISBN dos Anais: 978-65-5465-041-0

**CARLOSNEIORTUZARFERREIRA@GMAIL.COM; <sup>1</sup>, MELO; Jennifer Oliveira <sup>2</sup>, ANDRADE; Lucas de Assis Silva <sup>3</sup>, OLIVEIRA; Mariana de Souza <sup>4</sup>, LIMA; Viviane Moreira de <sup>5</sup>, BERTO; Bruno Pereira <sup>6</sup>**

### RESUMO

*Isospora coerebae* Berto, Flausino, Luz, Ferreira & Lopes, 2010 é um coccídeo descrito originalmente parasitando pássaros da espécie *Coereba flaveola* (Linnaeus, 1758) na Ilha da Marambaia, estado do Rio de Janeiro, Brasil. À época, sua descrição se baseou apenas em caracterizações morfológicas e morfométricas dos oocistos esporulados. No estudo taxonômico, para se inferir melhor sobre a filogenia dos grupos, é sempre desejável que se tenha uma caracterização mais completa possível de um organismo, juntando dados morfológicos e moleculares. Com isso, este trabalho objetivou identificar geneticamente esse coccídeo. Agora, este protozoário coccidiano foi isolado de amostras fecais do mesmo hospedeiro-tipo, mas de aves capturadas na Reserva Particular do Patrimônio Natural (RPPN) Porangaba (22°48'29.83''S;43°49'38.77''W) situada no município de Itaguaí, RJ, estabelecendo assim uma nova área de distribuição para a espécie. Um total de quatro expedições foram realizadas na RPPN Porangaba durante o ano de 2018, onde as amostras obtidas foram inicialmente armazenadas em tubos de centrifuga com solução de dicromato de potássio a 2,5% e, posteriormente, encaminhadas ao Laboratório de Biologia de Coccídios na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. No laboratório, as amostras de fezes foram oxigenadas e incubadas em temperatura ambiente por no mínimo sete dias objetivando a esporulação dos oocistos. Transcorrido esse tempo, as mesmas foram processadas pelo método de centrifugo-flutuação em solução de sacarose de Sheather. Na microscopia óptica, os oocistos observados foram, indubitavelmente, identificados como *Isospora coerebae* e então cuidadosamente isolados em solução de PBS com destinação à biologia molecular. A fim de lisar completamente os oocistos, quatro ciclos de congelamento-descongelamento foram aplicados e a extração do DNA foi feita usando o kit Qiagen DNeasy Blood and Tissue (Qiagen, São Paulo, Brasil) de acordo com as recomendações do

<sup>1</sup> UFRRJ, carlosneiortuzarferreira@gmail.com

<sup>2</sup> UFRRJ, jenniferoliveiramelo@outlook.com

<sup>3</sup> UFRRJ, lucasandrade.as@hotmail.com

<sup>4</sup> UFRRJ, mariana.s.o@hotmail.com

<sup>5</sup> UFRRJ, vilima@hotmail.com

<sup>6</sup> UFRRJ, berto.ufrj@gmail.com

fabricante. Foram sequenciadas duas regiões gênicas mitocondriais dentro do gene *cox1*, nomeadas aqui como COI1 e COI2, sendo os resultados analisados e editados no programa Chromas 2.6. As sequências foram comparadas com outros parasitos coccídios disponíveis no banco de dados GenBank usando a Ferramenta de Pesquisa de Alinhamento Local Básico (BLAST). Os alinhamentos foram criados no MEGA v10.2.6 usando Clustal W. As relações filogenéticas foram reconstruídas usando Inferência Bayesiana no MrBayes v3.2.7 e usando o método de máxima verossimilhança no MEGA X. A análise de inferência bayesiana foi conduzida sob o modelo evolutivo GTR+G por 1.000.000 gerações, e as árvores foram resumidas após a remoção de 25% do “burnin”. A análise de máxima verossimilhança foi realizada sob o modelo evolutivo TN93+G, e os valores “bootstrap” foram calculados por 1.000 réplicas. As árvores filogenéticas resultantes foram visualizadas no MrBayes e MEGA, exportadas no FigTree v1.4.4 e editadas no Corel PHOTO-PAINT. Na análise filogenética baseada na região de COI1, *I. coerebae* demonstrou proximidade com *Isospora* spp. de aves brasileiras, tendo similaridade de 99% com *Isospora sepetibensis*; e com relação à região de COI2, alocou-se em um grande clado de *Isospora* spp. de Passeriformes da América do Norte, Europa e Ásia, apresentando 98% de similaridade com *Isospora greineri*. Assim, aqui é fornecida uma caracterização genotípica inédita para a espécie.

**PALAVRAS-CHAVE:** parasitologia, taxonomia, biologia molecular, protozoologia, aves silvestres, coccídios

<sup>1</sup> UFRRJ, carlosneiortuzarferreira@gmail.com

<sup>2</sup> UFRRJ, jenniferoliveiramelo@outlook.com

<sup>3</sup> UFRRJ, lucasandrade.as@hotmail.com

<sup>4</sup> UFRRJ, mariana.s.o@hotmail.com

<sup>5</sup> UFRRJ, vilima@hotmail.com

<sup>6</sup> UFRRJ, berto.ufrrj@gmail.com