

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE *Bartonella* spp. NO TECIDO HEPÁTICO DE MORCEGOS DA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Pardauil, Suellen Oliveira¹; Pereira, Washington Luiz Assunção²; Bernal, Marcella Katheryne Marques³;

1. Bolsista de Mestrado do Programa de Pós-graduação em Saúde e Produção Animal da Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: suellenpardauil@gmail.com.
2. Orientador, Laboratório de Patologia Animal/ISPA/Belém, Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: wkarton@terra.com.br.
3. Coorientadora, Laboratório de Patologia Animal/ISPA/Belém, Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: mkbernalfh@gmail.com.

RESUMO:

Bartonelose é uma zoonose global transmitida por vetores causada por *Bartonella*, um gênero de bactérias Gram-negativas intracelulares. É uma das 14 doenças infecciosas emergentes negligenciadas que foram recentemente identificadas. Infectam mamíferos e são transmitidos por vetores artrópodes, causam manifestações clínicas inespecíficas. Diversos genótipos de *Bartonella* foram identificados em várias espécies de mamíferos selvagens e os morcegos são um reservatório significativo para numerosos patógenos, incluindo *Bartonella* spp. Os quirópteros são um grupo de mamíferos que têm um papel crucial na origem e disseminação da bactéria *Bartonella* entre regiões geográficas e outros grupos de mamíferos. Nos morcegos, vários táxons de artrópodes que se alimentam de sangue podem ser encontrados, o que pode ajudar na dispersão dessa bactéria. Reconhecendo as limitações associadas à detecção de espécies de *Bartonella* principalmente por meio de um único gene e empregando apenas um método de detecção, implementou-se a PCR convencional e foi utilizada para direcionar diferentes genes, permitindo uma análise mais sutil da diversidade de *Bartonella*. O presente estudo investigou a ocorrência e a identidade molecular em amostras de fígado (n = 53) de morcegos de 20 espécies diferentes dessa região, dentro do bioma Amazônia e foram submetidos à detecção molecular, para analisar as mutações desses genes, foi realizado o sequenciamento do DNA de duas regiões gênicas. Essa abordagem multifacetada teve como objetivo fornecer uma compreensão mais abrangente da prevalência de espécies de *Bartonella* entre pequenos mamíferos na região especificada.

PALAVRAS-CHAVE: Doença negligenciada; Fígado; Neotropical Chiroptera.