

RESUMO - CIÊNCIAS AGRÁRIAS - MEDICINA VETERINÁRIA

**DETECÇÃO MOLECULAR DE PIROPLASMÍDEOS EM PEQUENOS  
MAMÍFEROS DO BIOMA MATA ATLÂNTICA, BRASIL**

*Isabelly Pereira Furtado Marcolongo (isamarcolongo@ufrj.br)*

*Matheus De Souza Santana (matheus\_santana@ufrj.br)*

*Sara Gomes De Andrade (saraandradeufrj@gmail.com)*

*Fernanda Barcelos Amaral (barcelosfernanda@ufrj.br)*

*Roberto Teixeira De Oliveira (oliveira.roberttto@gmail.com)*

*Maria Luiza Di Lauro Kayser (maludilauro@ufrj.br)*

*Patrícia Gonzaga Paulino (patgpaulino@gmail.com)*

*Pamella Pryscila De Alvarenga Bissoli Maciel De Lima  
(pambissoli@hotmail.com)*

*Huarrisson Azevedo Santos (huarrisson@yahoo.com.br)*

Detecção molecular de Piroplasmídeos em pequenos mamíferos do bioma  
Mata Atlântica, Brasil

Isabelly P. F. Marcolongo, Matheus de S. Santana, Sara G. Andrade, Fernanda  
B. Amaral, Roberto T. Oliveira, Maria L. Di Lauro Kayser, Patrícia G. Paulino,  
Pamella P. de A. B. M. Lima, Huarrisson A. Santos.

A Mata Atlântica abriga uma das maiores biodiversidades do planeta, incluindo uma ampla variedade de pequenos mamíferos que desempenham importante função ecológica e podem atuar como reservatórios de agentes infecciosos (Pardini et al., 2006). Entre esses agentes, destacam-se protozoários da ordem Piroplasmida, conhecidos por infectarem células sanguíneas de diferentes vertebrados (Gonçalves et al., 2021). Apesar disso, os registros sobre sua ocorrência e diversidade em pequenos mamíferos silvestres nesse bioma ainda são limitados. Objetivou-se com o presente estudo investigar, por meio de técnicas moleculares, a presença de Piroplasmida em pequenos mamíferos silvestres de vida livre provenientes do Parque Nacional do Itatiaia, Mata Atlântica, Brasil. A pesquisa foi conduzida com aprovação do Comitê de Ética no Uso de Animais do Instituto Oswaldo Cruz (CEUA/IOC) e autorização do SISBIO/ICMBio (registros L-036/2018-A1 e 74498-11). Foram capturados 258 indivíduos, dos quais se coletaram amostras de sangue para análise. A extração de DNA foi realizada a partir de sangue total, e a qualidade do material foi verificada pela amplificação do gene endógeno GAPDH. Para a triagem molecular, utilizou-se a reação em cadeia da polimerase (cPCR) direcionada ao gene 18S rRNA (Jeffries et al., 2007); as amostras reativas foram submetidas a análises complementares com os genes hsp70, cox1 e cytB. O sequenciamento pelo método de Sanger foi aplicado exclusivamente aos fragmentos do gene 18S. Entre os indivíduos avaliados, 3,49% (9/258) foram positivos para o gene 18S. Desses, observou-se amplificação de hsp70 em uma amostra (11,11%), de cox1 em três (33,33%) e de cytB em oito (88,89%). A análise das sequências do gene 18S por BLAST revelou identidade entre 94,71% e 98,68% com *Babesia* sp. Resultados semelhantes foram relatados em estudo realizado na região metropolitana do Rio de Janeiro, no qual 33,3% dos indivíduos de *Didelphis aurita* apresentaram infecção pelo mesmo gênero, com base no 18S rRNA (Oliveira et al., 2023). Em Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Gonçalves et al. (2021) relataram 16,4% de positividade em *D. albiventris*, também utilizando esse marcador. Essas evidências reforçam a necessidade de sequenciamento dos diferentes genes utilizados na caracterização molecular, seguido de inferências filogenéticas que permitam posicionar com precisão as sequências obtidas. Sendo assim, conclui-se que, embora a frequência detectada tenha sido reduzida, a presença de piroplasmídeos em distintos hospedeiros reflete a complexidade das interações parasita-hospedeiro em ambientes de alta diversidade biológica, contribuindo para o entendimento da ecologia e epidemiologia desses protozoários.

Palavras-chave: parasito; babesia sp e pcr.