

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR  
VETORES

**DIAGNÓSTICO DE TRYPANOSOMA SPP. EM MAMÍFEROS SILVESTRES NO  
ESTADO DA BAHIA**

*Thainara De Souza Cerqueira (thainarascerqueira@gmail.com)*

*Joseana Araujo Lima (joseana.lima@inema.ba.gov.br)*

*Vanessa Silva Santana (vanessa.mev@hotmail.com)*

*Pablo De Almeida Souza Seixas (pablo.seixas263@gmail.com)*

*Waléria Borges Da Silva (waleria@ufba.br)*

*Leane Souza Queiroz Gondim (lgondim@ufba.br)*

*Rosângela Soares Uzêda (rouzeda@ufba.br)*

*Rogério Fernando De Jesus (rogeriofj@ufba.br)*

A ampla variedade de parasitos do gênero Trypanosoma, que afetam diversos animais vertebrados, exige monitoramento em ambientes naturais e de cativeiro. Sabe-se que muitas espécies desse gênero são capazes de causar enfermidades em animais silvestres, mas seu real impacto em animais resgatados da natureza ou mantidos em cativeiro ainda é pouco conhecido. Essa abordagem, sob a perspectiva da Saúde Única, é crucial para a

conservação da biodiversidade animal. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo diagnosticar a infecção por *Trypanosoma* spp. em mamíferos silvestres no estado da Bahia. Entre setembro de 2025 e março de 2026, foram coletadas amostras de sangue de 49 mamíferos silvestres, pertencentes a 13 famílias: Cebidae, Callitrichidae, Cervidae, Canidae, Felidae, Procyonidae, Ursidae, Myrmecophagidae, Didelphidae, Erinaceidae, Tapiridae, Dasypodidae e Bradypodidae, durante atendimentos clínicos no Setor de Animais Silvestres e Exóticos do Hospital de Medicina Veterinária da Universidade Federal da Bahia, com animais oriundos dos Centros de Triagem de Animais Silvestres (CETAS) de Salvador e de Cruz das Almas, além do Zoológico de Salvador. O diagnóstico foi realizado por meio de avaliação morfológica em esfregaço sanguíneo e detecção molecular a partir de amostras de sangue, sendo a abordagem molecular priorizada quando o volume de sangue foi insuficiente para ambas as técnicas. O DNA foi extraído de sangue total utilizando kit comercial de extração de DNA genômico, seguido de nested PCR com os pares de primers SLF/S762R e S823F/S662R, direcionados ao gene 18S rDNA de *Trypanosoma* sp. Nenhum dos esfregaços analisados ( $n = 34$ ) apresentou formas parasitárias. Em contrapartida, a nested PCR detectou três amostras positivas para *Trypanosoma* sp. (6,12%; 3/49). Duas amostras positivas foram sequenciadas após purificação com polietilenoglicol-8000, revelando 96,69% de identidade com *Trypanosoma minasense*, espécie frequentemente associada a altas prevalências em primatas neotropicais de áreas fragmentadas, mas raramente descrita na superordem Xenarthra. Esses resultados evidenciam a ocorrência do parasito nesses hospedeiros, sugerindo um possível papel na manutenção do parasitismo. Alterações ambientais, como a destruição de habitats e a escassez de alimentos, modificam a dinâmica de infecções na vida selvagem, aumentando o contato entre a fauna silvestre, os humanos e os animais domésticos. É crucial compreender as interações e monitorar a fauna para fortalecer a vigilância epidemiológica e prever riscos à saúde pública e animal. A continuidade do estudo aprofundará o conhecimento sobre a circulação do parasito na fauna, auxiliando no manejo sanitário da vida silvestre e da saúde pública.

Palavras-chave: parasitismo; biodiversidade; xenartros.

