

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**O QUE AS RODOVIAS REVELAM: VIGILÂNCIA POST-MORTEM DE
CYTAUXZON SPP. E HEPATIZOON SPP. EM FELÍDEOS SILVESTRES**

Joao Pedro Siqueira Palmer (joao_palmer@id.uff.br)

Maria Eduarda Monteiro Silva - Unifeso (mariaeduardasilva@unifeso.edu.br)

Cecília Bueno (ceciliabueno2020@gmail.com)

Karina Nunes Serafim (karina.serafim@concreamt.com.br)

Raquel Batista Junger De Carvalho (raqbatista@gmail.com)

Elan Cardozo Paes De Almeida (elancardozo@id.uff.br)

Ana Cláudia Calchi (ana.calchi@unesp.br)

Marcos Rogério André (mr.andre@unesp.br)

Alynne Da Silva Barbosa (alynnedsb@gmail.com)

No Brasil, ainda são escassos os estudos que investigaram a ocorrência de *Cytauxzoon* spp. e *Hepatozoon* spp. em felídeos silvestres, especialmente a partir de tecidos obtidos em condições post-mortem. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo avaliar a ocorrência e caracterizar molecularmente

Cytauxzoon spp. e Hepatozoon spp. em felinos silvestres atropelados em rodovias que percorrem o estado do Rio de Janeiro. Este estudo foi aprovado pela CEUA/UFF (7302090124). Entre 2023 e 2025, cadáveres de felinos silvestres encontrados nestas rodovias foram submetidos à necropsia. Foram coletados fragmentos de baço, fígado, rins, linfonodo mesentérico, pulmões, musculatura esquelética e coração, sendo estes congelados. Quando disponíveis, efusões cavitárias foram coletadas em tubos com EDTA e armazenadas sob congelamento. O DNA foi extraído utilizando kit comercial, com posterior confirmação da integridade do material por PCR para o gene *gapdh* de mamíferos. Para detecção dos hemoparasitos, foram empregadas PCR convencional e nested-PCR baseadas em fragmentos do gene 18S rRNA de *Cytauxzoon* e *Hepatozoon*, respectivamente. Amostras positivas para *Cytauxzoon* foram adicionalmente submetidas à amplificação do gene citocromo b (*cytb*). Os produtos amplificados foram purificados e sequenciados pelo método de Sanger. Foram necropsiados 25 felinos silvestres, incluindo 11 *Leopardus pardalis*, sete *Leopardus guttulus*, três *Puma concolor*, dois *Leopardus wiedii*, um *Herpailurus yagouaroundi* e um felídeo não identificado, totalizando 259 amostras. Destas, 117 (45,17%) foram positivas para *Cytauxzoon* e/ou *Hepatozoon*. A maior frequência de positividade para *Cytauxzoon* e *Hepatozoon* foi evidenciada nos rins (31,8% e 43,2%) e nos pulmões (44,4% e 63%), respectivamente. A detecção de *Cytauxzoon* spp. ocorreu em 82 amostras (31,67%). Sequências obtidas de dois exemplares de *P. concolor* apresentaram identidade entre 99,16% e 99,63% com *Cytauxzoon felis*. Em um indivíduo de *L. guttulus* foram identificadas sequências com 99,52% a 100% de identidade com *Cytauxzoon brasiliensis*. Além disso, uma amostra coletada do líquido amniótico de *L. pardalis* amplificou DNA de *Cytauxzoon*, sugerindo uma evidência molecular para a transmissão transplacentária desse parasito. Para *Hepatozoon* spp., 87 amostras (33,6%) foram positivas, das quais 36 foram sequenciadas, revelando identidades entre 98,71% e 99,69% com *Hepatozoon felis*. Este estudo amplia significativamente o conhecimento sobre a diversidade e distribuição desses apicomplexos em felídeos silvestres no Brasil e representa o primeiro a caracterizar molecularmente *Cytauxzoon* spp. e *Hepatozoon* spp. em tecidos de felinos silvestres em rodovias que atravessam o território do Estado do Rio de Janeiro,

evidenciando a importância de abordagens post-mortem para a vigilância de hemoparasitos.

Palavras-chave: piroplasmídeos; biologia molecular; hemoparasitos.