

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**NECROPSIAS COMO JANELA ECOLÓGICA PARA A DIVERSIDADE E
COINFECÇÃO POR SARCOCYSTIDAE E OUTROS APICOMPLEXA EM
FELÍDEOS SILVESTRES DA MATA ATLÂNTICA**

Sérgio Luiz Mattoso Cataldo (sergio_lmc@id.uff.br)

Igor Falco Arruda (igor_falco@yahoo.com.br)

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)

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

Maria Regina Reis Amendoeira (amendoeira.fiocruz@gmail.com)

Alynne Da Silva Barbosa (alynnedsb@gmail.com)

Felídeos silvestres são reconhecidos como importantes reservatórios de parasitos pertencentes à família Sarcocystidae. Embora alguns táxons, como *Toxoplasma gondii*, sejam amplamente estudados, ainda persistem lacunas

sobre a diversidade e as espécies de *Sarcocystis* spp. que infectam felídeos neotropicais. Nesse cenário, este estudo teve como objetivo detectar a frequência e caracterizar molecularmente espécies de Sarcocystidae em felinos silvestres atropelados em rodovias no estado do Rio de Janeiro. Este estudo foi aprovado pela CEUA UFF-7302090124. Entre 2023 e 2025, cadáveres foram recolhidos e necropsiados. Fragmentos de baço, fígado, rins, linfonodo mesentérico, pulmões, musculatura esquelética, coração, diafragma, duodeno, íleo, cérebro e medula espinhal foram coletados, além de efusões cavitárias, totalizando 259 amostras. O DNA foi extraído e teve sua qualidade confirmada por PCR para o gene GAPDH. A detecção molecular ocorreu por nested-PCR visando o gene ITS-1 da família Sarcocystidae. Foram necropsiados 25 felinos, incluindo 11 *Leopardus pardalis*, sete *Leopardus guttulus*, três *Puma concolor*, dois *Leopardus wiedii*, um *Herpailurus yagouaroundi* e um indivíduo não identificado. No total, 24 animais apresentaram amplificação para Sarcocystidae, correspondendo a 96%, com positividade em 10 *L. pardalis* e em todos os demais felídeos. Até o momento, amostras de três indivíduos foram sequenciadas por Sanger. Em *Puma concolor*, foram identificadas sequências de *Sarcocystis felis* em múltiplos tecidos, com identidades entre 98,3% e 100%. No mesmo indivíduo, rins apresentaram *Cytauxzoon* sp. com identidades entre 98,5% e 100%, enquanto o duodeno revelou sequência com 96,9% de identidade com *Toxoplasma gondii* ou *Hammondia* sp.. Outro *P. concolor* apresentou sequências compatíveis com *Besnoitia* sp. em fígado, musculatura esquelética, coração e linfonodo mesentérico, com identidades entre 93,2% e 95,1%. Em *L. guttulus*, foram identificadas sequências de *Sarcocystis neurona* em rins e musculatura esquelética, com identidades entre 99,6% e 99,8%, enquanto o fígado apresentou material compatível com *Besnoitia* sp., com identidade de 94,6%. Os resultados evidenciam elevada diversidade de Sarcocystidae em felídeos silvestres do Rio de Janeiro, incluindo coinfeções em um mesmo hospedeiro. Esses achados reforçam o papel desses animais como hospedeiros-chave nos ciclos desses protozoários. O estudo amplia o conhecimento sobre a diversidade de apicomplexas em felinos neotropicais e apresenta a primeira caracterização molecular desses agentes em tecidos de felídeos da Mata Atlântica no estado do Rio de Janeiro. Esses dados sugerem circulação ampla desses agentes em diferentes tecidos e reforçam a

necessidade de estudos longitudinais que integrem ecologia, patologia e vigilância molecular para compreender a dinâmica desses parasitos em ambientes antropizados e naturais.

Palavras-chave: diagnóstico post-mortem; pcr; necrópsia.