

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE BARTONELLA SPP.
EM MORCEGOS CAVERNÍCOLAS DA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL**

Eliz Oliveira Franco (elizfranco17@gmail.com)

Eder Silva Barbier (barbiereder@gmail.com)

Jovêncio Mateus Sada (jovencio.sada@unesp.br)

Elka Machado Ferreira (elka.ferreira@unesp.br)

Marita Vedovelli Cardozo (marita.vedovelli@unesp.br)

Rosangela Zacarias Machado (rz.machado@unesp.br)

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

Morcegos se destacam como importantes reservatórios de diversos agentes infecciosos, incluindo bactérias do gênero Bartonella. Evidências recentes indicam a emergência de espécies como Bartonella mayotimonensis e Bartonella rousetti associada à infecção humana, reforçando o papel desses mamíferos na dinâmica de transmissão e a necessidade de monitoramento contínuo. O presente estudo teve como objetivo investigar a ocorrência e diversidade genética de Bartonella spp. em quirópteros cavernícolas do

Nordeste do Brasil nos estados do Ceará, Pernambuco, Rio Grande do Norte e Sergipe. No total, foram amostrados 200 quirópteros pertencentes a oito espécies: 11 *Anoura geoffroyi*, 19 *Carollia perspicillata*, 29 *Desmodus rotundus*, 1 *Lonchorhina aurita*, 104 *Pteronotus gymnonotus*, 20 *Pteronotus personatus*, 9 *Glossophaga soricina* e 7 *Pteronotus rubiginosus-alitonus*. Para o isolamento bacteriano, amostras de sangue de morcegos foram submetidas a cultivo em meio líquido de pré-enriquecimento (BAPGM), suplementado com sangue desfibrinado de ovino, seguido de plaqueamento em ágar chocolate após sete dias. Das 200 amostras analisadas, foram obtidas 14 colônias bacterianas (7%), todas confirmadas como *Bartonella* spp. por qPCR direcionada ao gene *nuoG*. Na caracterização molecular, observou-se maior frequência de amplificação para os genes *gltA* curto e *nuoG* (57,14% cada), seguidos por *gltA* longo (28,57%), enquanto *ftsZ*, *rpoB*, *groEL* e *pap-31* apresentaram positividade de 21,42%. Os isolados foram provenientes de *Pteronotus gymnonotus* (8), *Desmodus rotundus* (3), *Pteronotus personatus* (2) e *Pteronotus rubiginosus* (1), indicando a circulação de *Bartonella* spp. nesses hospedeiros e variações no perfil de detecção entre marcadores moleculares. As análises de similaridade por BLASTn demonstraram alta identidade (~91–100%) com sequências depositadas no GenBank, principalmente associadas a morcegos de diferentes regiões, como Brasil, México, Guatemala, Peru e Zâmbia. As análises filogenéticas baseadas nos genes *gltA* e *nuoG* revelaram que as sequências obtidas se distribuem em múltiplos agrupamentos dentro do clado associado a quirópteros, evidenciando elevada diversidade genética. Alguns isolados agruparam-se com genótipos previamente descritos nas mesmas espécies de hospedeiros, enquanto outros se associaram a linhagens de morcegos neotropicais distintos. Apesar disso, a formação de subclados específicos sugere a circulação de variantes geneticamente relacionadas, possivelmente adaptadas a determinados hospedeiros e regiões. Esses resultados ampliam o conhecimento sobre a diversidade e distribuição de *Bartonella* spp. em morcegos no Brasil, destacando sua relevância epidemiológica.

Palavras-chave: diversidade genética; chiroptera; cavernas; bartonellaceae.