

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE BARTONELLA SPP.
EM ROEDORES E MORCEGOS EM ÁREAS DE CERRADO NO ESTADO DE
SÃO PAULO**

Eliz Oliveira Franco (elizfranco17@gmail.com)

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

Renan Bressianini Do Amaral (renan.amaral@yahoo.com.br)

Rafael Lucas Dos Santos Cazarotti (rafael_lsc@usp.br)

Leonardo La Serra (laserra00@yahoo.com.br)

Eder Silva Barbier (barbiereder@gmail.com)

Daniel Antônio Braga Lee (dab.lee@unesp.br)

Luiz Tadeu Moraes Figueiredo (ltmfigue@fmrp.usp.br)

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

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

Embora roedores e quirópteros atuem como os principais reservatórios de Bartonella spp., a ocorrência e diversidade destes agentes ainda permanece

subestimada no Brasil. O presente estudo teve como objetivo investigar a ocorrência e caracterizar molecularmente *Bartonella* spp. em roedores e morcegos amostrados em áreas de Cerrado no estado de São Paulo. As capturas foram realizadas nos meses de setembro e dezembro de 2023 e abril de 2024 em municípios do interior paulista, incluindo Gastão Vidigal, Taiúva e Cravinhos. No total, foram amostradas 6 espécies de roedores (17 *Akodon montensis*, 3 *Mus musculus*, 12 *Necomys lasiurus*, 4 *Rattus rattus* (e 2 espécies de morcegos (1 *Eumops perotis* e 12 *Molossus rufus*). As amostras de baço de roedores e morcegos foram submetidas à extração de DNA com kit comercial e triagem por qPCR direcionada ao gene *nuoG* de *Bartonella* spp., seguida de ensaios de PCR convencional para amplificação dos genes *gltA* (767 pb), *gltA* (380 pb), *ftsZ*, *groEL*, *nuoG*, *pap-31*, *rpoB* e *ribC* para caracterização molecular. A triagem molecular para *Bartonella* spp. em roedores revelou positividade de 8,3% (3/36) para o gene *nuoG*, enquanto nenhuma amostra de morcegos apresentou resultado positivo. Dentre as amostras positivas, observou-se amplificação de 100% (3/3) para os genes *groEL*, *gltA* (767 pb) e *ftsZ*, e de 66,7% (2/3) para *rpoB* e *gltA* (380 pb). As sequências obtidas de roedores (*Akodon montensis* e *Necomys lasiurus*) para os genes *ftsZ* e *gltA* mostraram alta similaridade (~97,7% a 100%) com *Bartonella machadoae* e genótipos de *Bartonella* spp. previamente descritos no Brasil, especialmente com aquelas previamente detectados em roedores dos estados do Ceará e Rio de Janeiro, indicando a circulação de linhagens geneticamente próximas entre diferentes regiões e hospedeiros. As análises filogenéticas baseadas nos genes *ftsZ* e *gltA* mostraram que as sequências de *Bartonella* spp. detectadas em roedores agruparam-se com genótipos previamente descritos em roedores neotropicais, incluindo *B. machadoae*, porém formando subclados distintos, sugerindo variantes geneticamente relacionadas com possível estruturação regional. Os resultados demonstram a circulação de *Bartonella* spp. em roedores em áreas de Cerrado no Sudeste do Brasil, confirmando seu papel como importantes reservatórios. A alta similaridade com genótipos previamente descritos, associada à formação de subclados distintos, sugere a presença de variantes regionais possivelmente adaptadas a diferentes hospedeiros. Esses achados reforçam a importância da vigilância molecular em

animais silvestres para ampliar o conhecimento sobre a diversidade genética e o potencial zoonótico dessas bactérias.

Palavras-chave: reservatórios selvagens; bartonelose; chiroptera; rodentia.