

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**DETECÇÃO DE PIROPLASMIDA EM GAMBÁS (DIDELPHIS ALBIVENTRIS)
NO CENTRO-OESTE DO BRASIL**

Bruna Louise Adona Reis Pereira (adonabruna@gmail.com)

Daniel Antônio Braga Lee (lee.danielab@gmail.com)

Beatriz Rocha Da Silva (biarochasil97@gmail.com)

Morgana Maira Hennig (hennigmorgana@gmail.com)

Fábia Magalhães Urunaga Taques (fabiatagues@gmail.com)

Giulia Lemos De Pinho Zanardo (giulia_zanardo@hotmail.com)

Adriane Jorge Mendonça (adrianejorge.m@gmail.com)

Thais Oliveira Morgado (thaismorgado@gmail.com)

Edson Moleta Colodel (moleta@gmail.com)

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

Richard De Campos Pacheco (richard.pacheco@ufmt.br)

A ordem Piroplasmida (incluindo os gêneros *Babesia*, *Theileria*, *Cytauxzoon* e *Rangelia*) compreende protozoários do filo Apicomplexa associados a importantes implicações econômicas, veterinárias e de saúde pública. Esses agentes infectam uma ampla diversidade de hospedeiros vertebrados, incluindo mamíferos silvestres, como o gambá (*Didelphis albiventris*), que pode atuar como reservatório de hemoparasitos. No Brasil, estudos moleculares envolvendo piroplasmídeos em marsupiais ainda são incipientes, especialmente na região Centro-Oeste. Nesse contexto, o presente estudo investigou a ocorrência e avaliou o posicionamento filogenético de piroplasmídeos em gambás no município de Cuiabá, Mato Grosso. Foram analisados dois espécimes de *D. albiventris*, atendidos entre 5 e 12 de agosto de 2024 no Setor de Animais Silvestres do Hospital Veterinário da Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), campus Cuiabá. Amostras de sangue foram obtidas por venopunção, com preparo de esfregaços sanguíneos corados por Giemsa, para avaliação microscópica. A parasitemia foi estimada pela análise de 100 campos microscópicos (1000×), sendo a intensidade determinada pela contagem de parasitas em 10.000 células. O sangue residual foi armazenado a -20 °C para posterior extração de DNA, utilizando o kit MagMAX™ Total Nucleic Acid Isolation. A qualidade do DNA foi verificada por PCR para o gene endógeno GAPDH. As amostras foram então submetidas à PCR para os marcadores 18S rRNA, hsp70, cox-1, cox-3 e cytB, sendo obtidas sequências para os genes 18S rRNA (783 pb) e cytB (809 pb). A análise microscópica revelou parasitemias de 1,26% e 0,36%, com formas intraeritrocíticas morfologicamente compatíveis com trofozoítos, além de formas com morfologia alongada, piriforme e, ocasionalmente, pareada, características dos estágios de merozoítos. A inferência filogenética, baseada no gene 18S rRNA, por máxima verossimilhança, posicionou ambas as sequências obtidas em um subclado (bootstrap = 99%), inserido em um clado monofilético denominado “grupo Marsupialia sul-americano”, juntamente com sequências previamente descritas em *D. albiventris*, *Didelphis aurita* e *Didelphis marsupialis*, além de associações com o carrapato *Amblyomma dubitatum* e o morcego hematófago *Desmodus rotundus*. Para o gene cytB, as sequências agruparam-se em um único subclado com alto suporte (bootstrap = 99%), relacionado ao clado dos piroplasmídeos nomeados de *Babesia sensu stricto* e *Cytauxzoon*. Os

resultados ampliam o conhecimento sobre a diversidade e o posicionamento filogenético de piroplasmídeos em marsupiais neotropicais e fornecem dados epidemiológicos relevantes para a região Centro-Oeste do Brasil, reforçando o potencial papel de *D. albiventris* como possível reservatório silvestre desses hemoparasitos.

Palavras-chave: biologia molecular; parasitemia; extensão sanguínea; hemoparasito.