

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR
VETORES

**BARTONELLA EM MORCEGOS CAVERNÍCOLAS E DÍPTEROS
ECTOPARASITOS NO NORDESTE DO BRASIL: DIVERSIDADE
GENOTÍPICA, FILOGENIA E REDES DE INTERAÇÃO**

Eder Barbier (barbier.eder@gmail.com)

Eliz Oliveira Franco (eliz.oliveira-franco@unesp.br)

Gabrielly De Oliveira Lopes (gabrielly.lopes@unesp.br)

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

Darci Moraes Barros Battesti (barros.battesti@gmail.com)

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

Morcegos são reservatórios naturais de diversos agentes patogênicos, incluindo bactérias do

gênero Bartonella, cuja transmissão é frequentemente mediada por artrópodes vetores.

Estudos recentes têm demonstrado o papel vetorial de dípteros ectoparasitos da família

Streblidae na circulação de Bartonella entre morcegos. Neste contexto, o presente estudo

investigou a diversidade, a prevalência, as relações filogenéticas e as redes de interação de

genótipos de Bartonella associados a morcegos cavernícolas e seus dípteros ectoparasitos em

seis cavernas do nordeste do Brasil. Foram realizadas nove expedições de campo, nas quais

foram coletadas 212 amostras de sangue de morcegos (nove espécies) e 1.017 dípteros

ectoparasitos (16 espécies). Após controle de qualidade molecular, 203 amostras de sangue

(95,8%) e 912 dípteros (90%) foram consideradas adequadas para análise. A detecção de

Bartonella foi realizada por qPCR e cPCR, seguida de sequenciamento de Sanger e análises

filogenéticas com múltiplos marcadores (gltA, ftsZ, ribC e rpoB), além de análises de redes

ecológicas. A positividade para Bartonella foi de 56% (113/203) nas amostras de sangue e

57% (521/912) nos dípteros. Entre as amostras positivas, a amplificação variou de 3,5% para

rpoB a 78% para gltA no sangue e de 2,5% para rpoB a 53% para gltA nos dípteros. A

diversidade genotípica foi elevada, com 12 genótipos para ftsZ ($gd = 0,901$) e 19 para gltA (gd

= 0,846). A maioria das sequências apresentou maior similaridade com *Bartonella*

previamente detectadas em morcegos e seus nos dípteros ectoparasitos na região Neotropical.

Filogeneticamente, as sequências agruparam-se principalmente no clado de *Bartonella*

associadas a morcegos e dípteros ectoparasitos (*gltA*, *rpoB* e *ribC*) e, em menor grau, a

linhagens associadas a ruminantes (*ftsZ*). Os genótipos tenderam a agrupar-se por família de

morcegos, sugerindo padrões de especificidade filogenética, embora diversos genótipos

apresentem ampla distribuição geográfica e incluam linhagens potencialmente distintas das

previamente descritas. As redes de interação morcegos-*Bartonella* e dípteros-*Bartonella*

apresentaram um único compartimento, conectividade intermediária e baixos níveis de

especialização, indicando ampla circulação de genótipos entre diferentes hospedeiros na

região estudada. Os resultados evidenciam elevada prevalência e diversidade genotípica de

Bartonella em morcegos cavernícolas e suas moscas ectoparasitas no nordeste do Brasil,

indicando a presença de linhagens potencialmente bem adaptadas a múltiplos hospedeiros.

Esses achados ampliam a compreensão da diversidade e da estrutura ecológica de *Bartonella*

spp. e destacam morcegos e seus ectoparasitos como um modelo relevante para estudos

ecoepidemiológicos.

Palavras-chave: chiroptera; diptera; streblidae; zoonoses.