

RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

HEMOSPORÍDEOS EM LAGARTOS DA CAATINGA: DIVERSIDADE MORFOLÓGICA E MOLECULAR

Vitoria Loiola Batista (vloiola43@gmail.com)

Amanda Maria Picelli (amanda.mpicelli@gmail.com)

Victoria Amanda Barreto De Arruda (victoria.b.arruda@hotmail.com)

Luiz Gustavo Magalhães Alves (luizgm01@gmail.com)

Fagner Ribeiro Delfim (fagnerdelfim@dse.ufpb.br)

Daniel Oliveira Mesquita (danmesq@dse.ufpb.br)

Francisco Carlos Ferreira Junior (franciscocarlosfj@gmail.com)

Erika Martins Braga (erikabragaufmg@gmail.com)

Os hemosporídeos (Apicomplexa: Haemosporida) são parasitos de ciclo de vida heteroxênico que infectam répteis, aves e mamíferos, sendo transmitidos por dípteros hematófagos. Apesar da relevância ecológica e médico-veterinária, o conhecimento sobre hemosporídeos em répteis ainda é limitado, visto que a maioria dos estudos foca em hospedeiros aviários. No Brasil, os registros em répteis são escassos e concentram-se na região amazônica, com ausência de

dados para o semiárido. Nesse contexto, investigamos a diversidade de hemosporídeos em lagartos da Caatinga, no nordeste do Brasil. O estudo foi conduzido no Parque Nacional Boqueirão da Onça, Bahia, em 2022. Os animais foram capturados utilizando armadilhas de interceptação e queda em formato de "Y", instaladas por 20 dias. Foram amostrados 128 lagartos de 13 espécies, submetidos à eutanásia (tiopental sódico, via intraperitoneal) para coleta de sangue e tecidos. Os esfregaços sanguíneos foram fixados em metanol absoluto e corados com Giemsa 10%. A extração de DNA de amostras de fígado seguiu o método fenol-clorofórmio, seguida de nested PCR e sequenciamento de um fragmento de 478 pb do gene *cytb*. A análise microscópica revelou 15 (11%) indivíduos infectados por hemosporídeos, enquanto a detecção molecular foi de 14% (n=19). As espécies hospedeiras positivas para ambos os métodos foram *Ameivula nigrigula* (n=14/24); *Tropidurus hispidus* (1/19) e *Iguana iguana* (n=3/4). Outros espécimes positivos foram *Tropidurus etheridgei* (n=2/33); *Tropidurus semitaeniatus* (n=2/14); e *Enyalius bibronii* (n=1/2), apenas via PCR. Foram recuperadas sete sequências em *A. nigrigula* com similaridade genética a linhagens de *Plasmodium kentropyxi* registradas no Brasil e na Colômbia, representando o primeiro registro de hemosporídeos nesta espécie hospedeira. Além disso, identificou-se uma nova sequência em *I. iguana*, cuja morfologia assemelha-se a *Plasmodium rhadinurum* e *Plasmodium minasense carinii*, espécies sem dados moleculares disponíveis. Os resultados ressaltam a importância da taxonomia integrativa para a identificação e caracterização desses parasitos, ampliando o conhecimento sobre a biodiversidade e distribuição de hemosporídeos no Semiárido brasileiro.

Palavras-chave: biodiversidade; plasmodium; répteis; semiárido brasileiro; taxonomia.