



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL**

**FABÍOLA CARDOSO VIEIRA**

**LACUNAS DE CONHECIMENTO E CONSERVAÇÃO:  
ESTUDO TRANSVERSAL DE PREVALÊNCIA DE  
*TRYPANOSOMA* SPP. EM MORCEGOS DE CABRUCO DE  
ILHÉUS-BAHIA**

**ILHÉUS – BAHIA  
2023**

**FABÍOLA CARDOSO VIEIRA**

**LACUNAS DE CONHECIMENTO E CONSERVAÇÃO:  
ESTUDO TRANSVERSAL DE PREVALÊNCIA DE  
*TRYPANOSOMA* SPP. EM MORCEGOS DE CABRUCO DE  
ILHÉUS-BAHIA**

Dissertação apresentada à Universidade Estadual  
de Santa Cruz, como parte das exigências para  
obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de Concentração: Patologia Animal

Orientadora: Prof. Dra. Fabiana Lessa Silva

Coorientadora: Flávia Regina Miranda

**ILHÉUS – BAHIA  
2023**

**FABÍOLA CARDOSO VIEIRA**

**LACUNAS DE CONHECIMENTO E CONSERVAÇÃO: ESTUDO TRANSVERSAL  
DE PREVALÊNCIA DE *TRYPANOSOMA* SPP. EM MORCEGOS DE CABRUCO DE  
ILHÉUS-BAHIA**

Ilhéus – BA, 23/02/2023

---

Fabiana Lessa Silva – Doutora  
UESC/DCAA  
(Orientadora)

---

Flávia Regina Miranda – Doutora  
UESC/DCAA  
(Coorientadora)

---

Emmanuel Messias Vilar Gonçalves da Silva – Doutor  
Centro Universitário Uninassau - João Pessoa

---

Paulo Rogério Mangini – Doutor  
Instituto Triáde

**ILHÉUS-BAHIA  
2023**

Dedico este trabalho, que nasceu e se criou em meio a uma pandemia, à incansável necessidade de discussão e modos de se operar conservação. Que possamos pensar e repensar juntos na pesquisa como criadouro de ideias e proposições para contribuirmos mesmo que minimamente naquilo que acreditamos: na manutenção da biodiversidade e da saúde a todos os seres vivos. Ainda que os tempos não estejam dos melhores e que os caminhos deflagrem nos mais tortuosos obstáculos. É imperativo resistir e seguir adiante.

## AGRADECIMENTOS

À minha orientadora, Fabiana Lessa, por viabilizar meu ingresso e permanência neste mestrado. Além de todo auxílio, atenção e compreensão dedicados a mim durante este período.

À minha coorientadora, Flávia Miranda, por ser exemplo e me proporcionar a oportunidade de crescimento pessoal e profissional em momentos tanto prolíferos quanto adversos durante essa jornada. Sobretudo pelos ensinamentos e pela confiança depositados em mim para a realização deste trabalho.

À Helen por absolutamente todas as horas de dedicação ao meu treinamento e pelos conselhos profissionais e acadêmicos. Por acreditar e confiar em mim. Sua expertise e motivação foram essenciais na condução deste estudo.

À sábia equipe de pesquisadores do Programa de Levantamento e Monitoramento da Biodiversidade da Fiocruz Mata Atlântica, em especial Ricardo Moratelli e Roberto Leonan, pela recepção e atenção voltadas à minha capacitação na instituição.

Aos integrantes do fecundo projeto que proporcionou o surgimento deste estudo, em especial Deborah Faria e Fábio Falcão por toda a experiência e disponibilidade divididas comigo.

À minha equipe de campo, incluindo “agregados”, especialmente aos dedicados e essenciais alunos de iniciação científica João e Clícia, os quais consistiram em parte substancial para que este trabalho ocorresse.

Ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e professores, por tornar possível a realização do mestrado.

À minha rede de apoio, a qual foi fundamental para que eu me mantivesse firme diante dos atravessamentos que me ocorreram nesses dois anos: Carol, irmã que escolhi; Rebeca, exemplo de perseverança; Mirella, amiga de jornadas pessoal e profissional; Bel pelo carinho de sempre; Elisa, pela escuta paciente; Vagalume, a definição da palavra “amigo”; Cris, pelas melhores risadas compartilhadas; e Sofia, mi regalito de todas las horas, na alegria e na tristeza. Vocês são a tradução mais precisa de amizade.

Ao Dinho, por ter sido parceiro e investido junto a mim na empreitada de atravessar o país do sul ao nordeste para compartilhar momentos na Bahia.

Ao Marcus, meu companheiro, por todo amor, compreensão, suporte, presença e planos divididos. Espero ser mestre e muitas outras evoluções ao seu lado durante os anos que se seguirão.

Aos amigos e colegas do Laboratório de Biodiversidade e Saúde da UESC pela ajuda, carinho e troca de conhecimentos, em especial Maíra, pelo apoio e ideias compartilhadas.

Aos meus pais, por terem fecundado em mim a curiosidade que me move em direção à pesquisa e por terem patrocinado meus estudos, permitindo que eu chegasse até aqui.

A Lula, por ter oportunizado meu ingresso no ensino superior num passado recente e por proporcionar àqueles que, assim como eu, não tiveram uma trajetória linear de formação, ocuparem as universidades. Agradeço também, por hoje, tentar interromper, por ora, o plano de necropolítica que se opõe à diversidade de pessoas e natureza.

Aos meus ancestrais, apagados das páginas da História, mas vivos por sua resistência para que eu estivesse aqui. Obrigada por ser a neta pós-graduada de um homem preto, analfabeto e sertanejo. Nossas conquistas não foram e jamais serão por acidente.



“Dou respeito às coisas desimportantes e aos seres desimportantes. Prezo insetos mais que aviões. Prezo a velocidade das tartarugas mais que a dos mísseis. Tenho em mim um atraso de nascença. Eu fui aparelhado para gostar de passarinhos”

Manoel de Barros

**LACUNAS DE CONHECIMENTO E CONSERVAÇÃO: ESTUDO TRANSVERSAL DE PREVALÊNCIA DE *TRYPANOSOMA* SPP. EM MORCEGOS DE CABRUCAS DE ILHÉUS-BAHIA**

**RESUMO**

Morcegos consistem em um dos táxons mais diversos de mamíferos, compondo variadas guildas, o que os torna fundamentais na manutenção dos ecossistemas. A grande plasticidade do táxon para diferentes habitats, acarreta implicações significativas na dispersão e manutenção de micro-organismos, dentre eles o *Trypanosoma* spp. Devido à alta diversidade e capacidade desse parasito infectar morcegos, a caracterização dessas interações e suas repercussões representam um desafio. O mesmo se observa em outros táxons de mamíferos selvagens e agentes infecciosos, incluindo aqueles com potencial patogênico. Uma das problemáticas na conservação de mamíferos ameaçados brasileiros consiste no desconhecimento do grau de nocividade de alguns patógenos àquelas populações em decorrência das lacunas encontradas nas interações hospedeiro-parasita. Sendo assim, objetivou-se compreender quais espécies de hospedeiros e patógenos podem ser chaves para a dispersão de enfermidades através do uso de análise de rede na comparação de dados oficiais dos planos de conservação do Brasil e literatura indexada sobre mamíferos brasileiros ameaçados (CAPÍTULO 1). Adicionalmente, objetivou-se também pesquisar a prevalência de *Trypanosoma* spp em morcegos de cabruca da Bahia, através de diagnóstico molecular, relacionando dados clínicos e ecoepidemiológicos à infecção. (CAPÍTULO 2). Na análise de rede notou-se que os dados oficiais (rede 1) continham 51 registros, incluindo 12 espécies hospedeiras e 29 patógenos, enquanto somados aos documentos não oficiais (rede 2), totalizavam 169 registros, incluindo 56 espécies hospedeiras e 65 patógenos. As espécies de maiores valores de intermediação na rede 1 foram *Ozotoceros bezoarticus*, *Chrysocyon brachyurus*, *Leptospira* spp., *Neospora caninum* e *Blastocercus dichotomus*. Enquanto na rede 2 foram *Toxoplasma gondii*, *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *Tayassu pecari* e *Sotalia guianensis*. Estes resultados indicam uma carência de registros oficiais de patógenos potencialmente nocivos para mastofauna brasileira ameaçada, caracterizando um gap que pode comprometer a eficiência das estratégias traçadas para proteção desses animais. Além disso, o estudo apontou possíveis espécies chaves de hospedeiros e patógenos implicados

na dispersão de doenças infecciosas entre os mamíferos estudados. Diante disso, o uso de ferramentas como a análise de rede pode representar uma alternativa aplicável na avaliação e incremento de dados nos planos nacionais de conservação. A taxa de morcegos infectados por *Trypanosoma* spp foi significativamente alta (20,74%), demonstrando que esses agentes estão presentes nessas populações. *Carollia perspicillata* foi a espécie mais abundante (70%) e a que obteve a maior taxa de infecção (78,57%). Adicionalmente, o estudo apontou infecções por *Trypanosoma* sp. Neobat 1 em *Trachops cirrhosus*, e *T. dionisii* e *Trypanosoma* sp Neobat 4 em *C. perspicillata* em infecções não mistas. Este trabalho ampliou a área de ocorrência de tripanossomos em morcegos para o estado da Bahia e corroborou com estudos recentes a respeito dos tripanossomas Neobats. O perfil clínico dos morcegos não revelou associação com a infecção para o *Trypanosoma* spp. Entretanto, pela primeira vez, uma abordagem clínica direcionada para morcegos neotropicais foi implementada e sugerida.

**Palavras-chave:** análise de rede; biodiversidade; hospedeiro; mastofauna; parasito; quiróptero-fauna.

## **KNOWLEDGE GAPS AND CONSERVATION: A CROSS-SECTIONAL PREVALENCE STUDY OF *TRYPANOSOMA* SPP. IN CABRUCÁ BATS FROM ILHÉUS-BAHIA**

### **ABSTRACT**

Bats consist of one of the most diverse taxa of mammals, composing several guilds, which makes them fundamental in the maintenance of ecosystems. The great plasticity of the taxon for different habitats, entails significant implications in the dispersion and maintenance of microorganisms, among them *Trypanosoma* spp. Because of the high diversity and capacity of this parasite to infect bats, the characterization of these interactions and their repercussions represent a challenge. It is also observed in other taxa of wild mammals and infectious agents, including those with pathogenic potential. One of the problems in the conservation of threatened Brazilian mammals is the lack of knowledge about the degree of harmfulness of some pathogens to those populations due to gaps found in host-parasite interactions. Therefore, the objective was to understand which species of hosts and pathogens may be key to the spread of diseases by network analysis in the comparison of official data from conservation plans in Brazil and indexed literature on threatened Brazilian mammals (CHAPTER 1). Additionally, the aim was also to investigate the prevalence of *Trypanosoma* spp in cabruca bats in Bahia, through molecular diagnosis, relating clinical and eco-epidemiological data to the infection. (CHAPTER 2). In the network analysis, it was noted that the official data (network 1) contained 51 records, including 12 host species and 29 pathogens, while added to the unofficial documents (network 2), they totaled 169 records, including 56 host species and 65 pathogens. The species with the highest intermediation values in network 1 were *Ozotoceros bezoarticus*, *Chrysocyon brachyurus*, *Leptospira* spp, *Neospora caninum* and *Blastocercus dichotomus*. While in network 2 were *Toxoplasma gondii*, *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *Tayassu pecari* and *Sotalia guianensis*. These results indicate a lack of official records of potentially harmful pathogens for threatened Brazilian mammals, characterizing a gap that may compromise the efficiency of strategies designed to protect these animals. In addition, the study indicates possible key species of hosts and pathogens involved in the transmission of infectious diseases among the studied

mammals. Against this background, the use of tools such as network analysis may represent an applicable alternative in the evaluation and increase of data in national conservation plans. The rate of trypanosome-infected bats was significantly high (20.74%), demonstrating that parasite is present in these populations. *Carollia perspicillata* was the most abundant species (70%) and the one with the highest infection rate (78.57%). Additionally, the study identified infections by *Trypanosoma* sp. Neobat 1 in *Trachops cirrhosus*, and *T. dionisii* and *Trypanosoma* sp Neobat 4 in *C. perspicillata* in non-mixed infections. This work expanded the area of occurrence of trypanosomes in bats to the state of Bahia and corroborated with recent studies regarding Neobats trypanosomes. The clinical profile of bats did not reveal an association with *Trypanosoma* spp infection. However, for the first time, a clinical approach directed towards Neotropical bats has been implemented and suggested.

**Keywords:** biodiversity; chiropterofauna; host; mammals; network analysis; parasite.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Medida de centralidade - Degree .....	24
Figura 2 - Medida de centralidade - Betweenness.....	25
Figura 3 - Medida de centralidade - Closeness.....	25
Figure 4 - Rede de interação entre hospedeiros e patógenos da rede 1 (dados oficiais) e rede 2 (dados oficiais + literatura indexada) .....	27
Figura 5 - Exame físico de indivíduo macho de <i>Carollia perspicillata</i> . Arquivo pessoal.....	41
Figura 6 Coleta de sangue em veia ulnar de <i>Carollia perspicillata</i> . Arquivo pessoal.....	43
Figura 7 - Razão sexual de morcegos capturados na Cabruca UESC .....	45
Figura 8 - Riqueza e abundância de morcegos capturados na Cabruca UESC .....	46
Figura 9 - Riqueza e abundância de morcegos capturados na Cabruca UESC de acordo com período lunar.....	47
Figura 10 - Riqueza e abundância de morcegos capturados de acordo com a época do ano ...	47
Figura 11 - Maturidade de morcegos capturados por período de expedições .....	48
Figura 12 - Fotografia de eletroforese em gel agarose 2,0%, com SYBR® Safe DNA Gel Stain (Invitrogen®). Amplímeros da Nested/ PCR para <i>Trypanosoma</i> spp. obtidos com oligonucleotídeos iniciadores TRY561F/TRY561. MM: marcador de peso molecular em escala 1KB Plus DNA Ladder (Invitrogen®), CN: controle negativo, CP: controle positivo (600 pb), canaletas 1, 2, 3, 6, 9, 10 e 11: amostras positivas, canaletas 4, 5 e 7: amostras negativas. Arquivo pessoal. <b>Erro! Indicador não definido.</b>	54
Figura 13 - Árvore filogenética reconstruída a partir de sequências do gene 18S SSU rDNA de parasitos do gênero <i>Trypanosoma</i> , pertencentes aos clados <i>T. cruzi</i> e <i>T. wauwau</i> , oriundos de oito morcegos. Foram utilizadas 22 sequências nucleotídicas na análise, sendo 14 previamente publicadas. Os números nos nós correspondem aos valores de apoio estatístico das inferências pelo método de Neighbor-Joining (NJ) (modelo 2 parâmetros de Kimura), derivado de 1000 replicações de <i>bootstrap</i> . .....	55

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Rede 1. Os cinco principais nós com os valores de centralidade mais altos.....	28
Tabela 2 - Rede 2. Os cinco principais nós com os valores de centralidade mais altos.....	28
Tabela 3 - Parâmetros observados no exame físico dos morcegos capturados na Cabruca UESC. Recorte do perfil de espécimes positivos para <i>Trypanosoma</i> spp. ....	511
Tabela 4 - Tripanossomos encontrados a partir de sequenciamento genético em morcegos infectados da Cabruca UESC. ....	544

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	13
<b>2 OBJETIVO GERAL</b> .....	15
<b>3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS</b> .....	15
<b>4 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	16
<b>5 CAPÍTULO 1</b> .....	21
<b>5.1 INTRODUÇÃO</b> .....	22
<b>5.2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	22
5.2.1 Análise dos dados .....	23
<b>5.3 RESULTADOS</b> .....	25
<b>5.4 DISCUSSÃO</b> .....	30
<b>5.5 CONCLUSÃO</b> .....	34
<b>6 CAPÍTULO 2</b> .....	35
<b>6.1 INTRODUÇÃO</b> .....	36
<b>6.2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	39
6.2.1 Área de estudo .....	39
6.2.2 População amostral e aspectos éticos .....	39
6.2.3 Captura de indivíduos.....	39
6.2.4 Desenho amostral .....	40
6.2.5 Avaliação inicial .....	40
6.2.6 Coleta de dados.....	42
6.2.7 Coleta de sangue.....	42
6.2.8 Necropsia .....	43
6.2.9 Diagnóstico Molecular .....	43
6.2.10 Sequenciamento genético .....	44
6.2.11 Confirmação taxonômica.....	44
6.2.12 Análise estatística .....	45
<b>6.3 RESULTADOS</b> .....	45
6.3.1 Quiropterofauna analisada.....	45
6.3.2 Dados ecoepidemiológicos e avaliação clínica de morcegos infectados por <i>Trypanosoma</i> spp.....	48
6.3.3 Biologia molecular, sequenciamento genético e árvore filogenética .....	54
<b>6.4 DISCUSSÃO</b> .....	56

<b>6.5 CONCLUSÃO</b> .....	61
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	62
<b>Anexo A – Gráficos: Rede 1 (Dados oficiais) e Rede 2 (Dados oficiais + literatura indexada)</b> .....	71
<b>Anexo B - Medida de Centralidade Degree: rede 1 (Dados oficiais) e rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)</b> .....	73
<b>Anexo C - Medida de centralidade Betweenness: Rede 1 (dados oficiais) e Rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)</b> .....	75
<b>Anexo D - Medida de centralidade Closeness: Rede 1 (dados oficiais) e Rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)</b> .....	77
<b>Anexo E – Banco de dados de hospedeiros - patógenos</b> .....	79
<b>Anexo F – Valores de intermediação (Rede 1 e Rede 2)</b> .....	109
<b>Anexo G - Ficha de Campo</b> .....	117
<b>Anexo H - Sequências genéticas utilizadas na árvore filogenética</b> .....	120

## 1 INTRODUÇÃO

Compondo mais de 20% da mastofauna do mundo, os morcegos correspondem à segunda ordem de mamíferos mais diversa e abundante até então registrada, sobretudo nos Neotrópicos (PAGLIA *et al.*, 2012; SIMMONS, 2005). Ocupam praticamente todo o globo terrestre com exceção de algumas ilhas no Pacífico, calotas polares, e regiões com altitudes extremas (LAURINDO; NOVAES, 2015). São subdivididos filogeneticamente nas subordens Yinpterochiroptera e Yangochiroptera, sendo esta última a que abrange os morcegos neotropicais (HUTCHEON; KIRSCH, 2006).

No Brasil, os morcegos ocorrem em todos os biomas e existem aproximadamente 180 espécies distribuídas em nove famílias - Emballonuroidae, Noctilionoidea, Vespertilionidae, Phyllostomidae, Mormoopidae, Furipteridae, Thyropteridae, Natalidae e Mossolidae (REIS *et al.*, 2017).

No bioma Mata Atlântica observam-se grandes concentrações de espécies endêmicas sob alto grau de ameaça e, por esta razão, é considerado um dos mais importantes *hostpots* do mundo, restando apenas aproximadamente 12% de sua cobertura original e seus remanescentes. Em relação à quiropteroфаuna, esse é o bioma mais bem estudado e nele ocorrem 98 espécies de oito famílias, equivalente a 54% da riqueza de morcegos registrada para o Brasil (NOVAES; SOUZA; LAURINDO, 2022). Parte considerável de seus remanescentes se encontra na região sul da Bahia, a qual abriga um dos mais bem preservados corredores ecológicos de Mata Atlântica (IBF, 2021). Esta região também alberga oito das nove famílias de quirópteros representadas por 78 espécies. Muitas destas espécies fazem uso das áreas de cabruca – plantações de cacau comumente encontradas nessa porção da Floresta Atlântica (FARIA; SOARES-SANTOS; SAMPAIO, 2006).

Como são os únicos mamíferos adaptados ao voo, os morcegos resguardam algumas particularidades biológicas reveladas por trás de seu sucesso evolutivo, que deflagram em implicações significativas na dispersão e manutenção de micro-organismos. Acredita-se que a habilidade de voo é capaz de explicar a resistência de quirópteros a patógenos. Ao voarem ocorre um aumento na taxa do metabolismo que resulta em elevados níveis de radicais livres de oxigênio, responsáveis por gerar inflamação. Para evitar essas respostas inflamatórias, os morcegos desenvolveram mecanismos de supressão que eventualmente os protegem da ação nociva de diversos micro-organismos (MORATELLI *et al.*, 2020), sendo alguns destes patogênicos para humanos, como o *Trypanosoma cruzi* (JANSEN; XAVIER; ROQUE, 2017).

Historicamente, quirópteros são relatados como reservatórios naturais de *Trypanosoma* spp. e estudos apontam que esta interação de coevolução entre hospedeiro-parasita vem

ocorrendo há milhares de anos (HAMILTON *et al.*, 2012). Em conformidade a isto, numerosos estudos revelam com frequência morcegos infectados por diferentes espécies de tripanossomos e Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs) de *Trypanosoma* sp - Neobats. Apesar desses estudos, o papel ecológico dos tripanossomos na sua interação com morcegos ainda apresenta lacunas no que concerne a relação hospedeiro-parasita, sendo, portanto, um desafio na pesquisa (ALVES *et al.*, 2021; LIMA *et al.*, 2015; RODRIGUES *et al.*, 2019).

Sabe-se que o papel dos parasitos no funcionamento do ecossistema é capaz de gerar repercussões tanto na saúde animal, ambiental quanto humana, atribuindo relevância aos estudos em torno da Saúde Única e Conservação (BUTTKE; DECKER; WILD, 2015). Há comprovações crescentes de que os efeitos mediados por parasitos podem ser significativos, uma vez que são capazes de moldar a dinâmica da população hospedeira, alterar a competição interespecífica, influenciar no fluxo de energia além de serem também componentes da biodiversidade (GÓMEZ; NICHOLS, 2013). Atualmente, existem evidências substanciais de que os parasitos reduzem significativamente a aptidão do hospedeiro na natureza, interagem com outros processos populacionais e moldam a estrutura da comunidade através de sua associação íntima com o hospedeiro (DOUGHERTY *et al.*, 2016).

A invasão de um patógeno pode ter efeitos em toda a comunidade, alterando dinâmicas ecológicas como a competição interespecífica. Portanto, é capaz de repercutir sucessivamente em outras esferas de considerável importância para aquele ecossistema (HATCHER; DICK; DUNN, 2012).

Embora a extinção exclusivamente por parasitismo seja rara, ainda é motivo de preocupação, uma vez que é capaz de reduzir os números de uma população com eventual aumento do risco de extinção, implicando nos processos estocásticos que afetam pequenas populações (HUDSON; DOBSON; LAFFERTY, 2006). Considerando-se o que foi exposto, este trabalho propôs, no capítulo 1, fazer uma breve avaliação teórica das enfermidades infecciosas que acometem os mamíferos ameaçados da fauna brasileira, registradas nos documentos oficiais de conservação do país e literatura indexada, através do estudo das interações entre hospedeiros- patógenos por meio de análise de rede.

No capítulo 2 objetivou-se realizar a pesquisa de *Trypanosoma* spp. em morcegos capturados em área de cabruca da Universidade Estadual de Santa Cruz – UESC no município de Ilhéus, além de relacionar os dados ecoepidemiológicos e clínicos desses morcegos.

Este trabalho elucidou a importância do estudo contínuo da relação entre a quiropterofauna e tripanossomos na Mata Atlântica do sul da Bahia, através da avaliação de saúde de morcegos, visando à conservação deste táxon. Além disso, destaca o uso de novas

ferramentas como a análise de rede a fim de proporcionar maior entendimento sobre as interações entre mamíferos brasileiros ameaçados e seus respectivos patógenos.

## **2 OBJETIVO GERAL**

Levantar dados teóricos e identificar as lacunas de conhecimento sobre enfermidades que acometem mamíferos brasileiros ameaçados, assim como conhecer a prevalência de infecção por tripanossomos que acometem os morcegos de áreas de cabruca na região de Ilhéus, Bahia.

## **3 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Identificar as lacunas de conhecimento acerca dos patógenos potencialmente nocivos à conservação da mastofauna ameaçada brasileira;
- Sugerir a técnica de análise de rede como ferramenta adjuvante na avaliação das interações entre hospedeiro- patógeno na elaboração de documentos oficiais de conservação de mastofauna;
- Conhecer a prevalência de tripanossomos em morcegos de diferentes espécies em áreas de cabruca de Ilhéus, Bahia, relacionando dados ecoepidemiológicos e clínicos desses animais.

## 4 REVISÃO DE LITERATURA

### 4.1 Morcegos

Os morcegos pertencem à ordem Chiroptera e representam um dos mais diversificados grupos de mamíferos com 202 gêneros e aproximadamente 1.400 espécies, o que corresponde a cerca de 25% da mastofauna até então registrada. Atualmente, a ordem é dividida filogeneticamente em duas subordens Yinpterochiroptera e Yangochiroptera, sendo que a primeira reúne as famílias Rhinopomatidae, Rhinolophidae, Hipposideridae e Megadermatidae, enquanto a segunda agrupa as famílias Emballonuroidae, Noctilionidae, Vespertilionidae, Phyllostomidae, Mormoopidae, Furipteridae, Thyropteridae, Natalidae, Mossolidae (REIS *et al.*, 2017).

Os hábitos alimentares de morcegos são diversos, compondo dessa forma diferentes guildas tróficas – quirópteros podem ser carnívoros, frugívoros, polinívoros, insetívoros, nectarívoros, hematófagos e onívoros (BERNARD *et al.*, 2002; REIS *et al.*, 2007; AGUIAR *et al.*, 2021; SUÁREZ, MEDÉLIN, 2021). Por este motivo consistem em um táxon de extrema relevância na manutenção de serviços ecossistêmicos, tais como polinização, dispersão de sementes, fluxo de nutrientes em cavernas e controle de pragas sobretudo na agricultura (MORATELLI; CALISHER, 2015).

Originados há cerca de 65 milhões de anos entre o final do Cretáceo e o início do Paleoceno, os quirópteros compõem um grupo antigo e altamente diversificado resultante de uma rápida radiação no Eoceno (TSAGKOGEOGA *et al.*, 2013). Classificados como a segunda ordem de mamíferos mais diversa no mundo, no Brasil, ocorrem sob a representação de todas as famílias da Yangochiroptera com cerca de 180 espécies e 68 gêneros distribuídos ao longo de todos os biomas, em especial na Mata Atlântica (PAGLIA *et al.*, 2012).

### 4.2 Mata Atlântica

Considerada como um dos 34 *hotspots* mundiais de biodiversidade, a estimativa é de que Mata Atlântica abrigue mais de um milhão e meio de espécies. Dentre as 1.361 espécies de mamíferos, aves, répteis e anfíbios que ocorrem nesse ecossistema, 567 são endêmicas da Mata Atlântica. Essa alta diversidade é inversamente proporcional aos 12,5% de áreas remanescentes do bioma, reflexo da intensa perda e fragmentação de habitat (IBF, 2021). A pressão dos processos antrópicos sobre a Mata Atlântica se estende sobretudo por matas ao longo do litoral do Rio Grande do Norte ao Rio Grande do Sul, que anteriormente representavam 15% do território nacional. Nesse contexto, o sul do estado da Bahia detém o maior e mais bem

preservado corredor de biodiversidade do bioma, responsável por abrigar 78 espécies de morcegos, com 50 gêneros e oito famílias (PARDINI, 2004; FARIA; SOARES-SANTOS; SAMPAIO, 2006).

#### **4.3 Lacunas de conhecimento: mastofauna brasileira ameaçada. E os quirópteros?**

A quiropterofauna desempenha fundamental papel nos serviços ecossistêmicos. Entretanto, a crescente detecção e isolamento de patógenos encontrados tanto em morcegos quanto em humanos em áreas de emergência ou reemergência de doenças, colocou os quirópteros em evidência no âmbito da pesquisa diante de seu potencial de contribuição no contexto de Saúde Única. Mesmo diante dessa visibilidade adquirida, ainda persistem muitas lacunas sobre a participação dos quirópteros nos ciclos biológicos de patógenos zoonóticos e sua contribuição na ocorrência de surtos e epidemias. Analisando de forma mais profunda, os estudos brasileiros à luz da quiropterofauna objetivam primordialmente uma melhor compreensão de sua biologia básica, ecologia e dinâmica populacional de espécies. Ainda assim, a despeito dos esforços, os quirópteros representam um dos grupos de mamíferos mais negligenciados durante os inventários de campo realizados no sul da Bahia, por exemplo. (FARIA; SOARES-SANTOS; SAMPAIO, 2006). Adicionalmente, ambas as abordagens de estudos no âmbito da conservação e da saúde única desprezam a avaliação da saúde dos morcegos ante as enfermidades infecciosas estudadas e os potenciais impactos para sua sobrevivência. Essa lacuna fica ainda mais evidente quando as listas oficiais para conservação das espécies ameaçadas de extinção no Brasil (MMA, 2022) não possuem quaisquer dados sobre agentes infecciosos potencialmente patogênicos que possam acometer as espécies ameaçadas de quirópteros do país.

Enquanto hospedeiros temporários de muitos patógenos, esse grupo taxonômico tem sofrido com o extermínio resultante do medo e desinformação da população que o associa à proliferação de enfermidades de forma leviana. A eliminação de populações de morcegos configura um desserviço à conservação do táxon, uma vez que ocasiona a interrupção de importantes serviços ecossistêmicos prestados por esses animais, além de atrasos na implementação de ações de mitigação direcionadas ao controle dos verdadeiros reservatórios envolvidos na propagação de tais microrganismos zoonóticos (MORATELLI; CALISHER, 2015).

De fato, em algumas situações os morcegos podem ser reservatórios naturais de diversos micro-organismos que necessitam de melhor investigação (AUSTEN; BARBOSA, 2021). Alguns desses micro-organismos são datados de milhares de anos numa estreita relação

de coevolução, tal como é observado entre morcegos e tripanossomos (HAMILTON *et al.*, 2012). Tripanossomos são parasitos sanguíneos de vertebrados geralmente transmitidos por vetores artrópodes. Várias espécies de tripanossomos são agentes causadores de doença em humanos e animais, particularmente nos trópicos, como o *Trypanosoma brucei*, responsável pela tripanossomíase humana africana ou Doença do Sono, enquanto o *T. cruzi* causa a Doença de Chagas na América do Sul e Central (AUSTEN; BARBOSA, 2021). O *Trypanosoma* spp. é um grupo diverso e antigo e as grandes divergências observadas no sequenciamento genético de várias espécies sugerem que eles têm pelo menos 100 milhões de anos de idade (HAMILTON *et al.*, 2007). Ao longo de sua evolução, os tripanossomos adaptaram-se a todas as classes de vertebrados além de uma variedade de vetores invertebrados hematófagos tais como barbeiros, moscas, mosquitos, carrapatos, pulgas até sanguessugas, o que leva esses parasitos a serem facilmente encontrados em todos os continentes (LIMA *et al.*, 2015). Os tripanossomos são parasitos complexos que se caracterizam pela alternância entre hospedeiros invertebrados e vertebrados dentro de seu ciclo biológico, sugerindo uma coevolução marcada por múltiplos eventos de troca de hospedeiro (RODRIGUES *et al.*, 2019).

Em morcegos, a relação com *T. cruzi*, sustentada pela hipótese “bat seeding”, e as evidências moleculares recentes sugerem que o parasito evoluiu de um clado mais amplo de tripanossomas de morcego, e que estes tripanossomas conseguiram se adaptar a outros hospedeiros mamíferos terrestres tanto no Novo como no Velho Mundo (HAMILTON *et al.*, 2012).

Sabe-se que morcegos podem ser infectados por diversos tripanossomos, sendo alguns deles espécie-específicos. Nos neotrópicos já foram descritas as espécies *T. rangeli*, *T. dionisii*, *T. c. marinkellei* (subespécie de *T. cruzi*) e *T. wauwau*. Em relação aos subtipos de *T. cruzi*, denominados Unidades Discretas de Tipagem (DTUs), já foram encontradas infectando quirópteros no Brasil: TcI, TcII, TcIII, TcIV e TcBat, incluindo infecções mistas entre estes parasitas (JANSEN; XAVIER; ROQUE, 2017). Além disso, recentemente foram descritas Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs) de *Trypanosoma* spp. conhecidas como Neobats -1,2,3,4,5 (ALVES *et al.*, 2021). Devido à alta diversidade e capacidade deste parasito infectar morcegos, a caracterização dessas interações representa um desafio (RODRIGUES *et al.*, 2019). Esta dificuldade é também compartilhada com outros táxons de mamíferos selvagens e agentes infecciosos, incluindo aqueles com potencial patogênico. Uma das problemáticas que atravessa a conservação de mamíferos ameaçados que vêm a sofrer declínio populacional em decorrência de doenças infecciosas, consiste nas lacunas encontradas nas interações hospedeiro-parasita, a fim de se determinar a real nocividade desses agentes

infeciosos (PEDERSEN *et al.*, 2007). Esse *gap* de informações pode inviabilizar que estratégias mais eficientes sejam traçadas para proteção da mastofauna eventualmente vulnerabilizada por tais micro-organismos (PEDERSEN *et al.*, 2007).

Atualmente, algumas ferramentas podem ser implementadas de forma eficiente no mapeamento das interações hospedeiro-parasita, como tem sido observado com o uso da análise de redes, que viabiliza maiores conhecimentos sobre as relações entre as entidades de interesse e suas interconexões, revelando os graus de complexidade existentes nestas miríades relacionais (DALLAS *et al.*, 2019).

#### 4.4 Análise de redes

Originalmente um ramo da matemática aplicada derivado da teoria dos grafos, que estuda as relações entre os objetos de um determinado conjunto, a análise de redes tem sido utilizada em diversas áreas como um meio para analisar fenômenos que consistem em dados relacionais e para construir modelos preditivos desses fenômenos (BUTTS, 2009; PASCUAL; DUNNE, 2006). Nas ciências humanas, a adoção da análise de rede como ferramenta de pesquisa já é uma realidade comum no estudo analítico desde comparações transculturais de padrões de relacionamentos interpessoais até estudos do crescimento da World Wide Web (WWW) (BORGATTI *et al.*, 2009; EUBANK *et al.*, 2004). Além de investigações de interações ecológicas, aplicações biológicas recentes de análise de rede incluem estudos da estrutura de vias metabólicas e redes reguladoras de genes (BOWER; BOLOURI, 2001). Atualmente, essa ferramenta estatística começou a ser aplicada no estudo de comunidades ecológicas, fornecendo não apenas uma representação gráfica de sistemas ecológicos complexos, mas também um mecanismo para mensurar atributos de espécies particulares e propriedades do sistema do qual estão inseridas (BASCOMPTE, 2009).

No estudo de redes de compartilhamento, hospedeiros e parasitas fornecem requisitos básicos para serem considerados objetos de interação, os chamados nós, enquanto as interconexões entre esses objetos são denominadas links. Juntos, nós e links formam uma topologia de rede capaz de identificar espécies hospedeiras e características associadas aos níveis de compartilhamento de parasitos, que podem por sua vez, indicar hospedeiros importantes para a manutenção e transmissão de parasitos nas comunidades (DALLAS *et al.*, 2019).

Para que os resultados da análise de rede sejam fidedignos ressalta-se a importância da dinâmica temporal das redes e da adequação da escala de tempo, uma vez que um período amostrado relativamente curto, pode não retratar a verdadeira dinâmica daquelas interações.

Também é importante considerar o máximo de entidades possíveis que compõem o sistema a ser analisado a fim de capturar suas interações e/ou potencial para interações (BUTTS, 2009; NEWMAN *et al.*, 2006).

## 5 CAPÍTULO 1

### **Estamos negligenciando as doenças infecciosas que colocam em risco a conservação da mastofauna brasileira ameaçada?**

(Artigo a ser submetido na revista *Journal Wildlife Disease*)

#### **RESUMO**

O Brasil detém uma das maiores riquezas de mamíferos selvagens do mundo. Por sua vez, essa biodiversidade vem sofrendo constantes ameaças por variados fatores antrópicos relacionados sobretudo com a perda e fragmentação de habitat com consequente estreitamento entre a fauna silvestre, animais domésticos e humanos, implicando em uma série de perturbações ambientais que podem favorecer o surgimento ou intensificação de doenças infecciosas nas populações selvagens. Nesse contexto, alguns patógenos podem contribuir para o declínio populacional de mamíferos silvestres ameaçados, comprometendo ainda mais seus *status* de conservação. No entanto, as enormes extensões territoriais e biodiversidade associadas à intensificação das pressões antrópicas na natureza dificultam dimensionar com maior precisão os eventuais danos causados por esses patógenos, bem como sua interação com os hospedeiros. Diante disto, entende-se que a compreensão da dinâmica entre hospedeiro – patógeno no estabelecimento de enfermidades e suas implicações ecológicas atreladas aos processos de adoecimento das entidades envolvidas, é de suma importância para o delineamento de estratégias de proteção à mastofauna brasileira ameaçada. Sendo assim, este estudo objetivou analisar os dados obtidos através de documentos oficiais de conservação e não oficiais indexados sobre patógenos potencialmente capazes de causar doenças em mamíferos silvestres ameaçados da fauna brasileira, mediante técnica de análise de rede, em que foram observadas as múltiplas variáveis entre as espécies hospedeiras e seus respectivos patógenos. Na análise de rede notou-se que os dados oficiais continham 51 registros, incluindo 12 espécies hospedeiras e 29 patógenos, enquanto somados aos documentos não oficiais, totalizavam 169 registros, incluindo 56 espécies hospedeiras e 65 patógenos. Estes resultados indicam uma carência de registros oficiais de patógenos potencialmente nocivos para mamíferos brasileiros ameaçados, caracterizando um *gap* de informações que pode comprometer a eficiência das estratégias traçadas para proteção desses animais. O estudo demonstrou que o uso de ferramentas como a análise de rede pode representar uma alternativa aplicável na avaliação e incremento de dados para os planos nacionais de conservação.

**Palavras-chave:** conservação; hospedeiro; mamíferos ameaçados; parasita; patógeno.

## 5.1 INTRODUÇÃO

O Brasil abriga uma enorme biodiversidade, e segundo o ICMBio (2018), pode chegar a deter ao menos 700 espécies. No entanto, o número de animais ameaçados cresce constantemente. Em relação aos mamíferos, atualmente, constam no Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção, 110 espécies equivalentes a 15% da mastofauna brasileira, sendo aproximadamente 60% deles endêmicos do país. (ICMBIO, 2022).

Entre as causas do declínio populacional de espécies ameaçadas, além da perda de habitat, incêndios, atropelamentos, e caça, estão as doenças infecciosas (ICMBIO, 2018; SILK *et al.*, 2019). Fragmentações de habitat podem resultar em adensamentos populacionais, favorecendo a transmissão direta de doenças ou mesmo aumentando o estresse dos indivíduos, o que os torna susceptíveis às doenças (ANDRIOLO, 2007). Além disso, o aumento de áreas desmatadas ocupadas pela pecuária pode facilitar o intercâmbio de doenças entre animais domésticos, silvestres e humanos (MORAND, 2020).

Diante disto, é necessário entender a dinâmica entre hospedeiro – patógeno, o estabelecimento da enfermidade e as implicações ecológicas atreladas aos processos que podem colocar em risco populações selvagens inteiras (FRAINER *et al.*, 2018).

Considerando-se a diversidade biológica e a grande extensão territorial brasileira, compreender como doenças infecciosas podem afetar a fauna ameaçada é um desafio. Desta forma, através da análise de redes, buscamos compreender os pontos chaves de intercâmbio de patógenos entre a mastofauna ameaçada brasileira. Este tipo de análise permite indicar variáveis e pontos importantes de interação entre patógenos e hospedeiros (PARK; CHOI; CHOI, 2020). Diante da comparação de dados oficiais dos planos de conservação do Brasil e literatura indexada sobre mamíferos brasileiros ameaçados, objetivamos entender quais espécies de hospedeiros e patógenos podem ser chaves para a dispersão de enfermidades, bem como destacar pontos lacunares no conhecimento sobre o tema em estudo, os quais podem vir a interferir diretamente nas ações de conservação.

## 5.2 MATERIAL E MÉTODOS

Utilizou-se o Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção do ano de 2018 para listar os mamíferos ameaçados no Brasil. Esta edição traz o resultado do processo de avaliação das espécies coordenado pelo Instituto Chico Mendes, oficializado pelo Ministério do Meio Ambiente por meio das Portarias 444 e 445 de 2014. A taxonomia dos mamíferos foi padronizada de acordo com Wilson e Reeder (1993).

Foi realizada uma revisão de literatura sobre doenças infectocontagiosas citadas como causa de ameaça e declínio populacional de mamíferos silvestres ameaçados da fauna brasileira. As informações foram obtidas de duas vertentes: a) documentos oficiais do governo do Brasil e o Ministério do Meio Ambiente - MMA, como os Planos de Ação Nacional para Conservação de Espécies Ameaçadas de Extinção (PAN), os arquivos de Avaliação do Risco de Extinção da Fauna Brasileira e a Instrução Normativa ICMBio nº 23, de 31 de dezembro de 2014, e Population and Habitat Viability Assessment (PHVA); b) documentos não-oficiais indexados em quatro bancos de dados online: Web of Science, BIOSIS, PUBMED e Google Scholar. Utilizamos as palavras-chaves pré-determinadas (espécie [gênero, família, ordem], doença, patógeno, vírus, bactéria, fungo, micose, parasito) nos idiomas português e inglês, entre o período de 1990 e 2021. Os patógenos documentados como ameaça e causadores de declínio populacional foram listados nas categorias bactéria, vírus, protozoário, fungo, endoparasito e ectoparasito, associado a seu respectivo hospedeiro. Além disso, considerou-se apenas literatura indexada em que os hospedeiros dos casos foram relatados com sinais clínicos e/ou patológicos juntamente a diagnóstico sorológico e/ou molecular do agente infeccioso (Anexo E).

### 5.2.1 Análise dos dados

Foram calculadas as frequências de hospedeiros e patógenos para cada grupo de bases de dados, documentos oficiais e não oficiais. Foi realizada uma análise de redes de interação parasito-hospedeiro, calculando as medidas de centralidade que enlaçam diferentes aspectos da importância do nó: grau do módulo, centralidade de intermediação e centralidade de proximidade (closeness). A importância relativa dentro uma rede é comumente referida como centralidade, que é uma medida útil da importância do nó em muitos tipos de rede diferentes, incluindo as redes patógeno-hospedeiro.

A centralidade de grau (degree) do módulo é simplesmente o número somado de links por nó, ou o número total de patógenos compartilhados com outras espécies hospedeiras, representa a riqueza, como apresentado na figura 1 (DALLAS *et al.*, 2019). A centralidade de intermediação (betweenness) é o número de caminhos mais curtos entre todos os outros nós que passam por um nó focal (Figura 2) (NEWMAN *et al.*, 2010). Espécies hospedeiras com alta intermediação são aquelas que compartilham patógenos com grupos de hospedeiros que não compartilham muitos patógenos, representando uma via potencial para o compartilhamento de patógenos entre grupos de hospedeiros. A centralidade de proximidade mede a distância relativa de um nó focal para todos os outros nós da rede; como tal, esta medida identifica os nós que estão próximos de muitos outros nós (KISS; BICHLER, 2008; DUNNE *et al.*, 2013). Espécies

hospedeiras que compartilham muitos patógenos com muitas espécies hospedeiras teriam alta centralidade de proximidade. Neste sentido, a centralidade de proximidade contém mais informações do que a centralidade de grau, pois a proximidade utiliza informações sobre todos os nós da rede, enquanto o grau se preocupa apenas com o número de links para um nó focal. A proximidade ou closeness está relacionada ao menor caminho entre dois nós, logo, é a medida que calcula o quão próximo um nó está dos demais. Assim sendo, quanto menor for a distância entre o nó e cada um dos demais, maior será a medida de proximidade (Figura 3).

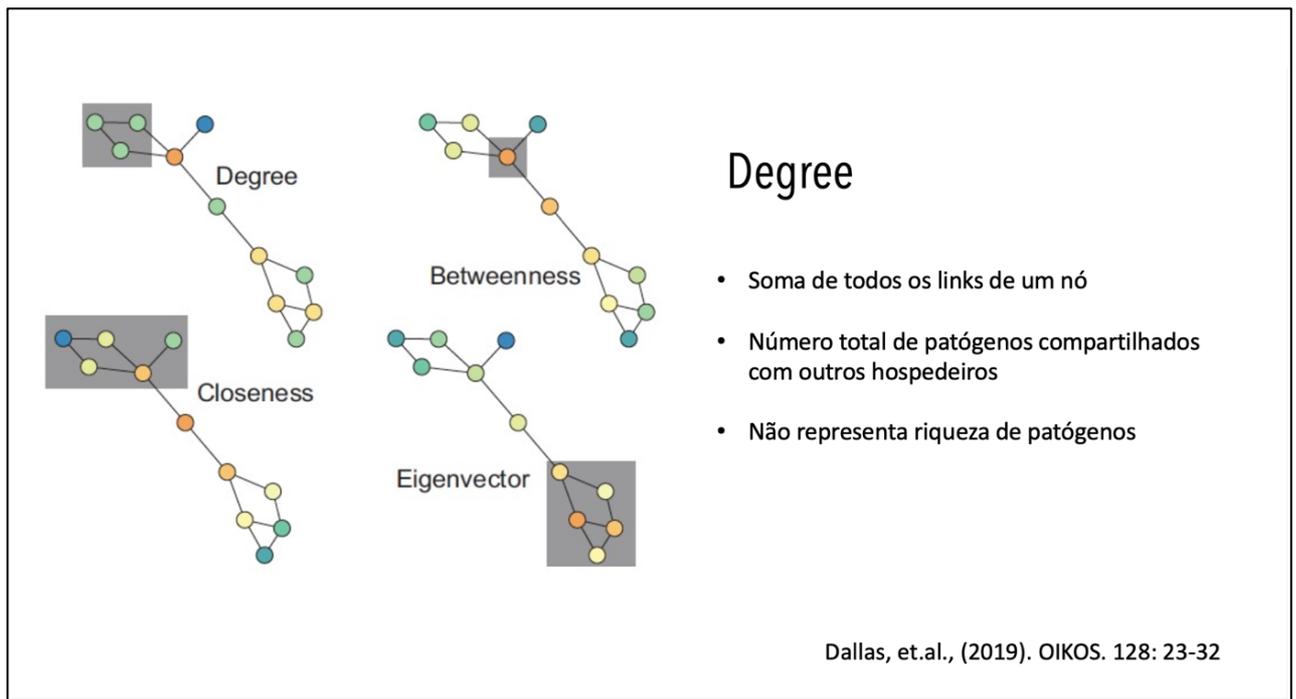


Figura 1 - Medida de centralidade - Degree

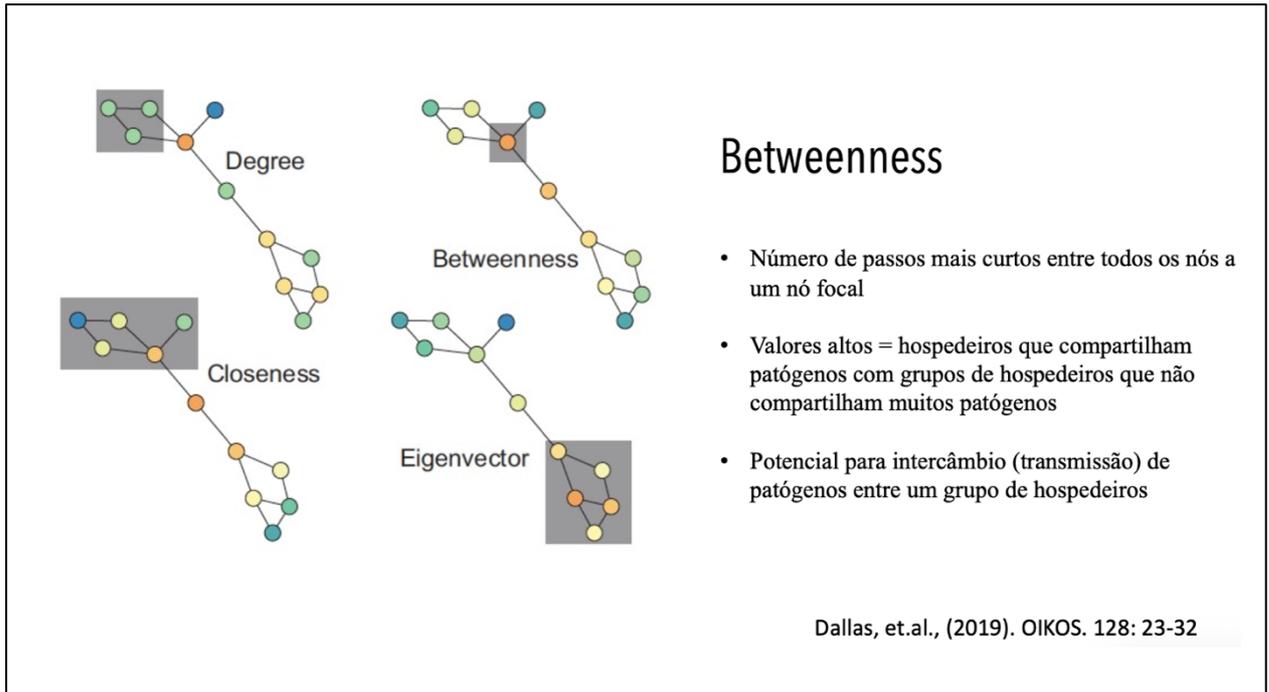


Figura 2 - Medida de centralidade - Betweenness

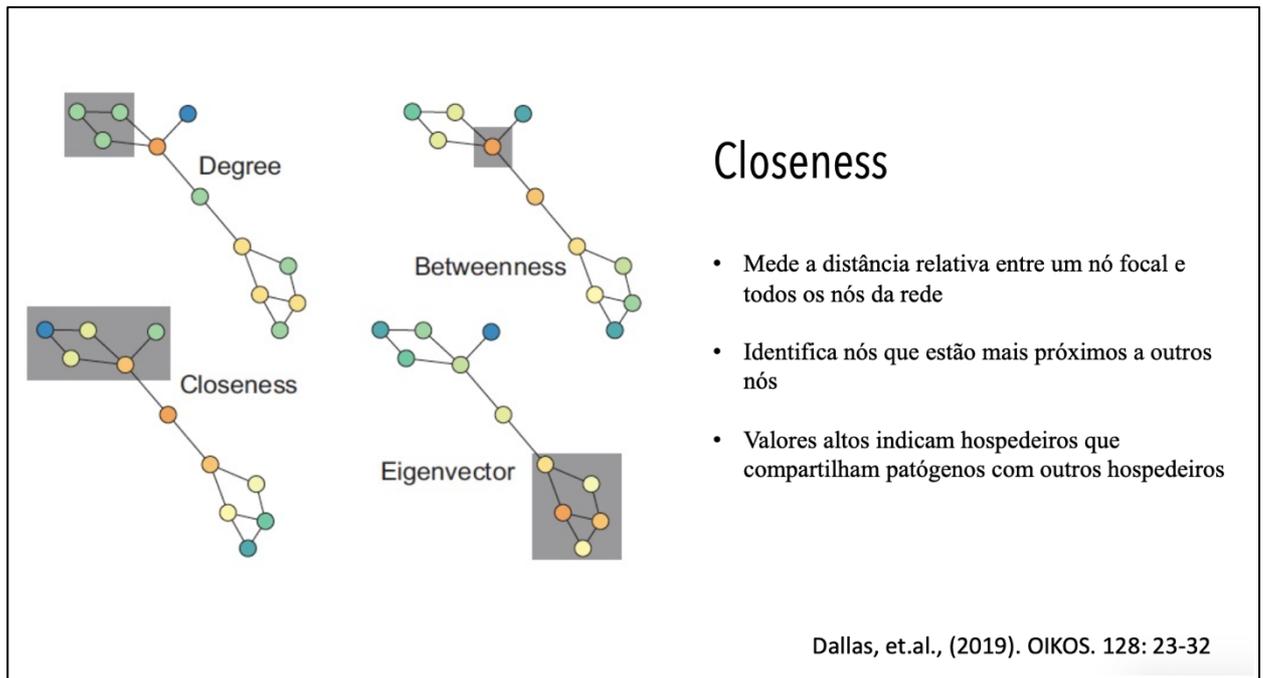


Figura 3 - Medida de centralidade - Closeness

### 5.3 RESULTADOS

Foram avaliadas 110 espécies de mamíferos ameaçados do Brasil retirados da Lista Vermelha, os quais representam 15% da mastofauna brasileira, sendo aproximadamente 60% deles endêmicos do país. Os patógenos totalizaram 91 entidades de relevância

infectocontagiosa mencionados em literatura indexada e documentos oficiais sobre conservação da fauna brasileira (ICMBIO, 2018).

Os dados oficiais (rede 1) continham 51 registros, incluindo 12 espécies hospedeiras e 29 patógenos, enquanto somados aos documentos não oficiais (rede 2), totalizam 169 registros, incluindo 56 espécies hospedeiras e 65 patógenos (Figura 4). *Ozotoceros bezoarticus* foi o hospedeiro com maior grau e valores de intermediação, entre 15 e 384,5, respectivamente, enquanto *Leptospira* spp foi o patógeno com maiores valores de centralidade na rede (Tabela 1). Na segunda rede, *O. bezoarticus* novamente foi a espécie hospedeira com os maiores valores de grau e intermediação (17 e 2.223,3), enquanto *Toxoplasma gondii* foi o patógeno com os maiores valores de centralidade (Tabela 2) (Anexo F).

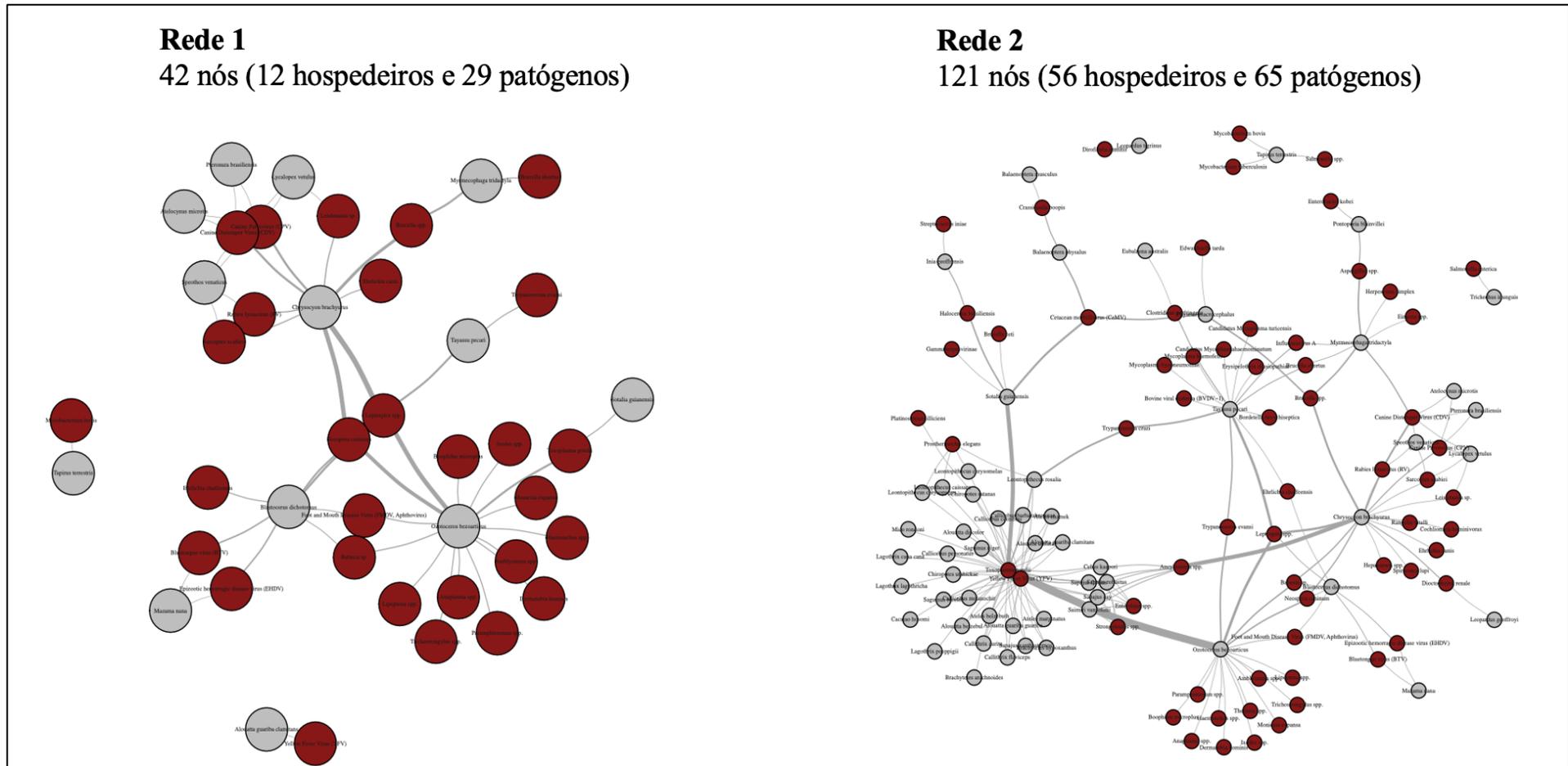


Figura 4 - Rede de interação entre hospedeiros e patógenos da rede 1 (dados oficiais) e rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)

Tabela 1 - Rede 1. Os cinco principais nós com os valores de centralidade mais altos.

Nós	Tipo	Centralidade de Proximidade	Centralidade de grau	Centralidade de intermediação
<i>O. bezoarticus</i>	Hospedeiro	0.00395257	15	384.5
<i>C. brachyurus</i>	Hospedeiro	0.00392157	9	362.6
<i>Leptospira spp.</i>	Patógeno	0.00404858	4	226.2
<i>N. caninum</i>	Patógeno	0.00398406	3	156.2
<i>B. dichotomus</i>	Hospedeiro	0.00371747	7	155.0

Tabela 2 - Rede 2. Os cinco principais nós com os valores de centralidade mais altos.

Nós	Tipo	Centralidade de Proximidade	Centralidade de grau	Centralidade de intermediação
<i>T. gondii</i>	Patógeno	0.00078927	37	3199.7
<i>O. bezoarticus</i>	Hospedeiro	0.00079114	17	2223.3
<i>C. brachyurus</i>	Hospedeiro	0.00075988	16	2013.3
<i>T. pecari</i>	Hospedeiro	0.00074074	14	1310.9
<i>S.guianensis</i>	Hospedeiro	0.00074516	5	897.3

Houve diferenças entre o número de hospedeiros e patógenos de importância para a fauna ameaçada quando comparamos as duas redes. Nos dados oficiais notam-se 42 nós representados por 13 hospedeiros e 29 patógenos conectados por 51 links, mas quando somamos os dados não oficiais, o número de nós passa a ser 121 e os hospedeiros sobem para 56 e 65 patógenos de importância, conectados por 179 links (Anexo A). Em ambos os casos, cervídeos e carnívoros - em especial *Chrysocyon brachyurus*, correspondem às classes com maior importância, pois albergam muitos patógenos. Porém quando a rede 2 é avaliada, *Tayassu pecari*, *Myrmecophaga tridactyla*, *Sotalia guianensis*, *Sapajus robustus*, *Sapajus flavius*, *Sapajus cay*, *Saimiri vanzolinii*, e *Cebus kaapori* também ganham importância, sendo hospedeiros de ao menos cinco patógenos de importância ecológica compartilhados ou não. Entre os primatas mencionados, se destacam principalmente parasitos como *T. gondii* e *Ancylostoma spp.* Enquanto *M. tridactyla* e *T. pecari* compartilham infecção por *Brucella abortus*.

As cinco espécies mais frequentes de hospedeiros, em ordem decrescente, a partir dos dados oficiais (rede 1) segundo as medidas de centralidade *Degree*, são *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *B. dichotomus*, *S. venaticus* e *L. ventulus*, enquanto na rede 2 considerando-se a mesma medida, aponta *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *T. pecari*, *B. dichotomus* juntamente a

*M. tridactyla* - ocupando simultaneamente terceira posição de maior frequência - e *C. kaapori* como as espécies mais frequentes. Em *Betweenness* observa-se na rede 1, da maior para menor frequência *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *B. dichotomus*, *M. tridactyla* e *T. pecari* - ambos em 4º lugar -, e em 5º, *S. venaticus*. Já as cinco colocações mais frequentes na rede 2 são *O. bezoarticus*, *C. brachyurus*, *T. pecari*, *S. guianensis* e *M. tridactyla*. A medida de centralidade *Closeness* apresentou quatro espécies posicionadas de forma decrescente registradas na rede 1: *O. bezoarticus*, *O. brachyurus*, *B. dichotomus* e *T. pecari*. Enquanto na rede 2 temos *O. bezoarticus* ocupando a 1ª posição e a 2ª sendo compartilhada entre as espécies *C. brachyurus*, *C. kaapori*, *S. flavius*, *S. cay*, *S. robustus* e *S. vanzolinii*.

Na avaliação de medidas de centralidade, o *Degree* representa o número total de patógenos compartilhados entre diferentes espécies (Anexo B). No caso da rede 1, *O. bezoarticus*, *C. brachyurus* e *B. dichotomus* são os hospedeiros que compartilham maior quantidade de patógenos. Já na rede 2, *T. pecari* também ganha destaque. Na análise da mesma medida de centralidade, os patógenos que afetam uma maior quantidade de espécies são vírus da cinomose canina (CDV), parvovírus canino (CPV) e *Leptospira spp* na rede 1; e *T. gondii*, CDV e *Ancylostoma* na rede 2.

O *Betweenness* alto representa potencial para intercâmbio de patógenos entre diferentes grupos de hospedeiros. As mesmas espécies de carnívoros e cervídeos mencionadas em *Degree*, demonstraram alto valor na análise na rede 1, porém aqui - além de *Leptospira spp* -, *Neospora caninum* e *Brucella spp* também obtiveram destaque. Na avaliação da rede 2, o *Toxoplasma gondii* apresenta valores bem mais altos que os demais patógenos, e os hospedeiros de maior potencial são *Ozotoceros bezoarticus*, *Chrysocyon brachyurus*, *Tayassu pecari* e *Sotalia guianensis* (Anexo C).

O valor de *Closeness* indica espécies que se relacionam de forma mais estreita devido à sua proximidade de interação ou potencial interação. Sendo patógeno, pode significar o quão é capaz de infectar uma maior gama de hospedeiros, sendo hospedeiro, o quanto é capaz de compartilhar patógenos com outros hospedeiros. Esse evento pode ser favorecido pelo mesmo uso de habitat ou mesma família ou gênero, contribuindo para a susceptibilidade a infecções por determinados agentes infecciosos. Igualmente, também pode demonstrar o potencial de infecção dos patógenos a dados hospedeiros devido à proximidade com a qual se encontram.

Logo, podemos inferir que quanto maior a medida de proximidade, maior o potencial de se infectar ou de causar infecção, sugerindo que nesses espaços de convivência possa haver um grau de desafio maior por parte dos hospedeiros e eventualmente um maior favorecimento a condições adaptativas entre alguns patógenos, e a depender da área analisada, a possibilidade

de transbordamentos zoonóticos. Nesta medida de centralidade, ao observarmos a rede 1, os destaques são para os patógenos, pois aparecem em maior proporção do que os hospedeiros. Na rede 2, os hospedeiros de maior destaque, além do *O. bezoarticus* e *C. brachyurus*, são os primatas *Cebus kaapori*, *Sapajus flavius*, *Sapajus cay*, *Sapajus robustus* e *Sapajus vanzolinii* (Anexo D).

## 5.4 DISCUSSÃO

Observamos que as espécies com maior destaque nas análises são em sua maioria cervídeos e canídeos – especialmente *C. brachyurus*, espécies com ampla distribuição geográfica, e com potencial de dispersão de doenças verificados em betweenness e degree. As espécies de cervídeos no estudo, compartilham muitas doenças de importância zoonótica e para a criação de animais de produção, como brucelose e febre aftosa (ARAÚJO, 2010). Porém, há uma diferença quando observamos a rede 2, na qual *T. gondii* tem grande destaque, com valores de degree bem maiores do que nos documentos oficiais, podendo indicar a necessidade de maiores estudos para avaliação de impacto nas populações selvagens, merecendo talvez maior atenção nos planos de conservação do governo.

Além disso, quando observamos a rede 2, o *T. pecari* aparece entre os hospedeiros com maior betweenness e degree, porém nos planos de conservação, as doenças que podem colocar estas populações em risco não são muito abordadas. O *M. tridactyla* também tem destaque nos valores de degree, pois compartilham uma ampla gama de patógenos com outros hospedeiros, e o *S. guianensis* tem destaque em altos valores de betweenness, chamando atenção pois a espécie pode ser ponte para transmissão de doenças para outros grupos de hospedeiros no ambiente aquático.

Em closeness nota-se que a presença de um nó com muitas interações próximas entre si, quando representado por um patógeno, pode significar o quão é capaz de infectar uma maior gama de hospedeiros, e sendo hospedeiro, o quanto é capaz de compartilhar patógenos com outros hospedeiros. Esse evento pode ser favorecido pelo mesmo uso de habitat, mesma família ou gênero, contribuindo para a susceptibilidade a infecções por determinados agentes infecciosos. Igualmente, também pode demonstrar o potencial de infecção dos patógenos a dados hospedeiros devido à proximidade com a qual se encontram. Logo, podemos inferir que quanto maior a medida de proximidade, maior o potencial de se infectar ou de causar infecção, sugerindo que nesses espaços de convivência possa haver um grau de desafio maior para os hospedeiros e eventualmente um maior favorecimento a condições adaptativas entre alguns

patógenos. Além disso, a depender da área analisada, há a possibilidade de ocorrência de transbordamentos zoonóticos.

Observamos também que as espécies com maior destaque são aquelas muito estudadas, com grupos de pesquisa consolidados e coordenados por médicos veterinários, fato que também pode eventualmente justificar o enfoque das pesquisas em doenças (NAVAS-SUAREZ, 2018; TEXEIRA, 2022). Neste estudo utilizamos informações que relatassem patógenos com relação direta com doença ou morte dos animais ameaçados. Durante o levantamento de dados, notamos que existem diversos relatos de patógenos com potencial de acometimento das espécies ameaçadas, porém nota-se a deficiência da aplicação de testes que comprovem a presença do agente infeccioso como causador da doença, sendo que muitos estudos se limitam a dados sorológicos, nos quais pode-se sugerir que o animal já teve contato com o patógeno, porém não se sabe se este tem potencial para causar dano a estas populações.

Nota-se também que a maior parte das doenças estudadas tem importância zoonótica ou para produção animal, podendo representar algum viés quando avaliamos os patógenos de maior importância no estudo, uma vez que tais enfermidades tendem a despertar maiores interesses pelos possíveis impactos indiretos ou diretos na saúde humana como o vírus amarelo, que pode afetar fatalmente alguns grupos de primatas não humanos (PHN).

O vírus da Febre Amarela (FA) surgiu com grande destaque nas análises de degree na rede 2, devido ao alto número de links entre primatas, uma vez que este táxon representa um volume considerável em nossa pesquisa pela diversidade de espécies ameaçadas. Também podemos observar espécies do gênero *Alouatta* representadas entre os hospedeiros de relevância, devido à sua alta e conhecida suscetibilidade à FA e registros de óbitos reportados tanto pelo Livro Vermelho como por literatura indexada durante o surto da doença no período de 2016 a 2018 no país, sobretudo no estado de São Paulo em áreas sem cobertura vacinal. Nesta ocasião, os *Alouatta* foram as sentinelas mais confiáveis, enquanto os gêneros *Sapajus* e *Callicebus* demonstraram altas taxas de infecção, porém menor mortalidade em comparação a *Alouatta* spp.

Os primatas *Callithrix* apresentaram menores taxas proporcionais, de mortalidade, de carga viral e lesões hepáticas, porém o RNA viral foi detectável. Tais diferenças denotam a importância do monitoramento estratégico de epizootias e medidas de controle para febre amarela (ICMBIO, 2018; CUNHA, 2019; DE AZEVEDO FERNANDES, 2021). Nos dados oficiais – rede 1, a relevância numérica do vírus amarelo não demonstrou expressão significativa no degree. O mesmo fato é observado em betweenness, enquanto na rede 2, o vírus da FA se apresenta como um dos mais representativos, ainda que com menor destaque do que

outros patógenos que detém potencial de infectar outros grupos de hospedeiros que não somente primatas. Na medida de proximidade não observamos o vírus amarelo em nenhuma das duas categorias estudadas, porém na rede 2, *C. kaapai*, *S. flavius*, *S. cay*, *S. robustus*, e *S. sanzolini* aparecem quase sobrepostos de tão próximos na rede, devido às conexões compartilhadas de patógenos, entre essas espécies de primatas, incluindo o vírus da FA (DE AZEVEDO FERNANDES, 2021).

Alguns parasitas como *T. gondii*, *Neospora caninum* e *Ancylostoma* spp. apresentaram alta expressividade em todas as medidas de centralidade tanto exclusivamente na rede 1 como na rede 2, o que confirma não só um intercâmbio facilitado destes agentes infecciosos entre os mais diversos grupos de mamíferos, incluindo *Sotalia guianensis*, como também a possibilidade de maior acesso diagnóstico destes patógenos, ainda que muitas vezes não seja exame direto.

O *T. gondii* é capaz de infectar grande quantidade de hospedeiros, entre eles, carnívoros, cervídeos e primatas. Possui importante papel na mortalidade de primatas neotropicais e comumente altas taxas de infecção em felídeos são reportadas por serem hospedeiro definitivo do parasito. Apesar das infecções por *T. gondii* serem comuns, os impactos para a vida selvagem e seu papel epidemiológico ainda não é bem compreendido.

Em seu estudo, Vitaliano e colaboradores (2014) identificaram a partir de 226 amostras de animais silvestres, 17 genótipos do parasita, onde 13 deles não haviam sido identificados até então. A grande diversidade de cepas, alta capacidade de infectar diferentes hospedeiros e o estreitamento exponencial entre fauna doméstica e selvagem favorecem o trânsito facilitado desse patógeno, conferindo seu sucesso evolutivo (FERREIRA, 1997; VIEIRA, 2008; CASAGRANDE, 2013; VITALIANO, 2014; COSTA-SILVA, 2019).

*Leptospira* spp. também apresentou grande destaque em todas as medidas avaliadas na análise de rede, sugerindo mais uma vez, trânsito cruzado deste patógeno com uma alta gama de hospedeiros, além da diversidade de espécies de espiroquetas. O gênero compreende mais de 200 espécies saprófitas e patogênicas, sendo conhecidos ao menos nove sorovares capazes de infectar mamíferos selvagens e domésticos, além de humanos (MACHRY *et al.*, 2010). A leptospirose é amplamente disseminada na fauna em todos os biomas da América Latina e muitos animais silvestres são reconhecidos como reservatórios de leptospirosas (VIEIRA, 2018). No entanto, o real papel desses animais como fonte de infecção para o gado e humanos ainda não está claro. O que abre margem também para reflexão sobre uma possível via invertida da infecção e os impactos na fauna silvestre, evidenciando a necessidade de estudos mais robustos na epidemiologia e detecção direta das cepas (MACHRY, 2010; VIEIRA, 2018).

Patógenos como CPV e CDV foram expressivos em todas as medidas de centralidade tanto nos documentos oficiais quanto somados à literatura não oficial, ocupando posições semelhantes. O CDV é tradicionalmente um agente infeccioso que afeta cães domésticos e consiste em uma importante entidade nas infecções de carnívoros selvagens. Pode estar relacionado a diferentes cenários epidemiológicos, envolvendo presença ou não de animais domésticos infectados com ou sem manifestação clínica, uma vez que diversas espécies atuam como reservatórios tanto no ambiente urbano como na natureza. Entretanto, o crescimento das populações de cães e da urbanização são fatores determinantes na introdução do CDV na fauna silvestre (JORGE *et al.*, 2010).

A caça com uso de cães ou simplesmente o ataque e predação de espécies selvagens por esses animais, são eventos cada vez mais comuns que intensificam a exposição dos mamíferos silvestres ao CDV, favorecendo maior circulação viral na natureza, o que estende sua distribuição de infecção a outros hospedeiros, como membros da família Myrmecophagidae, da ordem Pilosa, conforme observado em um *Tamandua tetradactyla* de vida livre na região centro-oeste do Brasil (LUNARDI, 2018). Neste relato, a análise filogenética da cepa encontrada se agrupou com isolados de duas linhagens distintas, embora os polimorfismos específicos no sítio de ligação, que determina a emergência de doenças em novos hospedeiros, não tenha sido detectada no genoma do estudo em questão (LUNARDI, 2018).

Outro registro de CDV em xenartras ocorreu no Tennessee nos Estados Unidos, com a confirmação da enfermidade em cinco exemplares de *Choloepus didactylus* de cativeiro que foram a óbito, que manifestaram sinais clínicos característicos e compatíveis com cinomose. No exame necroscópico, histologia, imunohistoquímica e PCR foi confirmada a presença do CDV. O sequenciamento viral identificou uma nova cepa capaz de infectar cães domésticos e animais selvagens no Tennessee (SHELDON *et al.*, 2017). O mesmo estudo propôs e realizou a administração de vacina CDV recombinante em sete exemplares da referida espécie e as mesmas apresentaram resposta sorológica positiva para o agente infeccioso, sem efeitos adversos, sugerindo que a vacinação possa vir a ser uma ferramenta a ser considerada na imunização de *Choloepus didactylus* e outras espécies próximas filogeneticamente, que estejam expostas ao CDV (SHELDON *et al.*, 2017). Estes estudos demonstram novas configurações na estrutura genética das populações de CDV com potencial de evolução de características generalistas e/ou especializadas para a aptidão de infecção a novos hospedeiros (JORGE *et al.*, 2010).

A análise de rede demonstra que o CDV pode ser transmitido para possíveis populações interconectadas de hospedeiros com proximidade filogenética ou não. Ou seja, grande

possibilidade de intercâmbio viral entre grupos distintos de hospedeiros, ainda que estes não possuam a aptidão esperada para estabelecimento espécie-específico do vírus como observado nos carnívoros.

De acordo com os dados levantados, os mamíferos aquáticos apresentam uma maior carência de informações sobre patógenos que podem estar contribuindo para o declínio populacional quando comparados com os mamíferos terrestres. Essa carência pode ser constatada pela falta de dados oficiais, por exemplo, em planos de ação para a conservação de espécies ameaçadas de extinção de mamíferos aquáticos (ICMBIO 2011a; ICMBIO 2011b; ICMBIO 2019).

Um dos pontos que deve ser levado em consideração sobre a carência de dados para os mamíferos aquáticos é a dificuldade de obter informações sobre causa mortis devido ao estágio de decomposição da carcaça, acesso ao local de encalhe e equipe técnica especializada (DIERAUF; GULLAND, 2001). Sabe-se que o ambiente aquático se encontra contaminado pelas diversas atividades humanas e essa contaminação pode gerar imunossupressão nestes animais, contribuindo para a ocorrência de infecções maciças, tanto parasitárias quanto bacterianas, virais e micóticas (DE GUISE, *et al.*, 1995). Diante disso, será previsível que cada vez mais os mamíferos aquáticos apresentem enfermidades infecciosas que levem a um estado de debilidade que resulte em suas mortes. Por outro lado, há situações de encalhes desses animais bastante enigmáticas, como o ocorrido com cachalotes no Mar do Norte, um evento sem precedentes e que permitiu a exclusão de uma série de hipóteses potenciais, tanto naturais quanto antrópicas (IJSELDIJK *et al.*, 2018). O que se percebe é que há um grande desafio em obter informações de declínio populacional de mamíferos aquáticos por ação de agentes patogênicos.

## 5.5 CONCLUSÃO

Diante do atual cenário de amplificação da lista de espécies brasileiras ameaçadas, fragmentação de *habitats*, e do aumento do contato entre animais domésticos e silvestres, compreender os potenciais riscos à saúde da fauna ameaçada é fundamental, pois além do risco de adoecimento destas populações, há uma tendência exponencial de que tais doenças possam emergir ou - diante da já existência, se intensificar a partir do estreitamento de populações selvagens e domésticas, contribuindo para um maior potencial de dispersão de patógenos e subtração da fauna silvestre. Nosso estudo apontou para uma carência de dados nos documentos oficiais de conservação, sobre enfermidades infecciosas de importância que podem colocar em risco as populações dos mamíferos ameaçados brasileiros, sugerindo um maior incremento na

elaboração dos próximos planos e estratégias através do uso de ferramentas aplicáveis como a análise de rede.

## 6 CAPÍTULO 2

### Prevalência de *Trypanosoma* spp. em morcegos de área de Cabruca de Ilhéus- Bahia

#### RESUMO

Os morcegos compõem um dos grupos mais diversos de mamíferos e apresentam variadas guildas, o que os posiciona como fundamentais na manutenção dos ecossistemas. Embora historicamente e evolutivamente relatados como hospedeiros naturais de *Trypanosoma* spp, diversos estudos ainda apontam lacunas nesta interação hospedeiro-parasita. Além disso, muitos registros indicam a infecção de morcegos por numerosas e diferentes espécies de tripanossomos, sendo alguns deles de relevância na interface entre mamíferos silvestres, domésticos e humanos. Sendo assim, este estudo objetivou investigar a prevalência de tripanossomos em morcegos capturados em áreas de cabruca de Ilhéus, Bahia. Além disso, objetivou-se ainda associar os dados do ambiente e aspectos clínicos dos morcegos a fim de elucidar relações ecoepidemiológicas da infecção pelos tripanossomos nesses animais. Para isso, quirópteros foram capturados na área de cabruca da Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, em que foram previamente identificados e contidos manualmente para avaliação física, pesagem e medição do comprimento do antebraço. Em seguida, os animais foram submetidos à coleta de sangue através da punção da veia ulnar para posterior extração de DNA e diagnóstico molecular pela técnica de *Nested* /PCR. Amplicons obtidos foram purificados e enviados para sequenciamento genético para identificar os tripanossomos envolvidos na infecção. A taxa de quirópteros amostrados infectados foi significativamente alta (20,74%), demonstrando que *Trypanosoma* spp está presente nessas populações. Das espécies analisadas, *Carollia perspicillata* foi a mais abundante (70%) e a que obteve a maior taxa de infecção (78,57%). Adicionalmente, o estudo apontou infecções por *Trypanosoma* sp Neobat 1 em *Trachops cirrhosus*, e *T. dionisii* e *Trypanosoma* sp Neobat 4 em *C. perspicillata* em infecções não mistas. Este resultado amplia a área de ocorrência de tripanossomos em morcegos para o estado da Bahia e corrobora com estudos recentes a respeito tripanossomas Neobats, considerados Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs). O perfil dos morcegos infectados revelou bom estado clínico sem aparente associação com a infecção pelo parasito. A maior parte dos morcegos infectados capturados eram filostomídeos e ocorreu no período chuvoso durante a fase lunar minguante. Entende-se que pesquisas com quiropterofauna são uma importante ferramenta para vigilância epidemiológica e oportunidade para investigar a saúde de morcegos promovendo a conservação do táxon.

**Palavras-chave:** conservação; hospedeiro, mamíferos voadores; parasita; tripanossomos

## 6.1 INTRODUÇÃO

Os morcegos pertencem à ordem Chiroptera e representam um dos mais diversificados grupos de mamíferos com 18 famílias, 202 gêneros e aproximadamente 1.400 espécies, o que corresponde a cerca de 25% da mastofauna até então registrada. Atualmente, estudos filogenéticos subdividiu a ordem nas duas subordens Yinpterochiroptera e Yangochiroptera, sendo que a primeira reúne a superfamília Rhinolophoidae e a segunda agrupa as superfamílias Emballonuroidea, Noctilionoidea e Vespertilionidae (REIS *et al.*, 2017).

As particularidades biológicas e a vasta diversidade de espécies e de populações expressadas por quirópteros os tornam importantes atores na prestação de serviços ecossistêmicos (MORATELLI *et al.*, 2020). Dois terços das espécies de morcegos se alimentam de insetos e cumprem expressivo papel no controle de vetores de doenças e de pragas agrícolas, beneficiando a produção de alimentos orgânicos ao reduzir consideravelmente o uso de agrotóxicos nas plantações. Além disso, morcegos atuam de maneira eficaz como polinizadores e dispersores de sementes, garantindo a manutenção da biodiversidade e, portanto, a segurança alimentar (KUNZ *et al.*, 2011).

Por outro lado, quirópteros são relatados como reservatórios naturais de patógenos relevantes na conservação da vida selvagem e na saúde pública, com destaque para vírus emergentes e tripanossomatídeos (RANGEL *et al.*, 2019; ROQUE *et al.*, 2013) Desta forma, numerosos estudos têm sido desenvolvidos para a compreensão dos mecanismos de infecção no táxon a fim de elucidar as relações hospedeiro-patógeno implicadas principalmente na transmissão de enfermidades aos seres humanos (BANERJEE *et al.*, 2020).

No Brasil, conforme levantamentos atuais, existem 180 espécies de morcegos distribuídas em nove famílias e 68 gêneros (PAGLIA *et al.*, 2012), enquanto no sul da Bahia já foi relatada a ocorrência de 78 espécies, 50 gêneros e oito famílias. Na região Sul da Bahia, já foram registradas a ocorrência de oito famílias de morcegos: Emballonuridae, Moormopidae, Natalidae, Noctilionidae, Phyllostomidae, Thyropteridae, Vespertilionidae e Mollosidae (FARIA *et al.*, 2006). Essa variedade se deve ao fato de parte considerável dos remanescentes da Mata Atlântica e um dos seus corredores de biodiversidade estarem localizados nessa região, onde está inserida o município de Ilhéus (IBF, 2021).

As florestas úmidas do bioma representam importantes centros de endemismo de distintos grupos biológicos, sobretudo quirópteros (FARIA *et al.*, 2006; PAGLIA *et al.*, 2012; NOVAES; SOUZA; LAURINDO, 2022). Fragmentos da Mata Atlântica em Ilhéus apresentam um mosaico composto por floresta ombrófila densa e plantações sombreadas de cacau (*Theobroma cacao*), organizados em sistemas agroflorestais conhecidos como cabucas. As

comunidades de morcegos em cabucas tendem a ser mais ricas, diversas e abundantes, além de serem fundamentais nos ecossistemas tropicais (LOBÃO *et al.*, 2011). Apesar disso, os morcegos têm sido particularmente negligenciados nos levantamentos de mastofauna no sul da Bahia (FARIA *et al.*, 2006). Esta falta de dados básicos sobre a diversidade e distribuição de quirópteros culmina em dificuldade e impedimentos para mitigação de estratégias de conservação para o grupo (ICMBIO, 2018).

Em um estudo longitudinal realizado entre os anos de 1986 a 2002 no sul da Bahia, foram capturadas 60 espécies, das quais 29 ainda não haviam sido registradas. Esses dados aumentaram significativamente o conhecimento da quiropterofauna do estado e apontaram para importância da pesquisa das populações de morcegos (FARIA *et al.*, 2006). Os morcegos apresentam particularidades significativas devido à adaptação evolutiva ao voo motorizado (MORATELLI *et al.*, 2020).

Sabe-se que o sistema imunológico desses animais dispõe de menos acionamento, já que a identificação de organismos invasores comuns aos demais mamíferos induz à inflamação com maior frequência do que naquele táxon (FEHERVARI *et al.*, 2019). A capacidade de voar confere alto dispêndio energético com proporcional produção de espécies reativas de oxigênio. Estes metabólitos estão envolvidos na ativação da resposta imune inata e na sinalização de resposta imune adaptativa (MORATELLI *et al.*, 2020). Dessa forma, mamíferos voadores têm evitado a super-ativação da resposta imune inata e a inflamação há milhões de anos, o que garantiu que pudessem estabelecer uma intrincada relação ecológica com organismos patogênicos, entre eles os tripanossomos (HAMILTON *et al.*, 2012; FEHERVARI *et al.*, 2019).

Estudos demonstram que a distribuição de morcegos infectados por tripanossomos é mundial. Dentre todos os hospedeiros desse parasito, os quirópteros figuram como os mais antigos. Dada à sua boa adaptação não só ao parasito, mas também à paisagem, os morcegos são capazes de percorrer grandes distâncias, sendo, portanto, eficientes centros de dispersão. A longevidade de algumas espécies de quirópteros como o *Tadarida brasiliensis* – até 40 anos de idade; ou outras do gênero *Carollia* – entre 10 e 15 anos, também demonstra fator importante na manutenção do *Trypanossoma* spp. (REIS *et al.*, 2017; FEHERVARI *et al.*, 2019; BANERJEE *et al.*, 2020).

No Brasil, relata-se que aproximadamente 40 espécies de morcegos já foram infectadas por mais de 10 espécies de tripanossomas em diferentes estados brasileiros (ACOSTA *et al.*, 2014). Dentre os *Trypanossoma* sp já descritos em quirópteros no país, estão o *T. dionisii*, *T. cruzi*, *T. cruzi marinkellei*, além de uma nova linhagem de *T. cruzi* – TcBat, relacionada

principalmente a morcegos frugívoros, e os *Trypanosoma* sp Neobats (1,2,3,4,5), MOTUs recentemente descobertas (LIMA *et al.*, 2013; ALVES *et al.*, 2021).

Austen e Barbosa (2021) sugerem que a dispersão do parasito na natureza poderia se dar por transmissão mecânica ou oral. Assim, a chance de exposição do hospedeiro dependeria do seu hábito alimentar, o que tornaria morcegos frugívoros e insetívoros um dos grupos mais suscetíveis à infecção por tripanossomos.

Segundo a *World Health Organization* - WHO (2021), o *T. cruzi* é capaz de infectar todas as ordens de mamíferos nas Américas, incluindo o homem, causando a doença de Chagas – uma enfermidade parasitária classificada como uma das mais importantes da lista de doenças tropicais negligenciadas, portanto, com graves repercussões na saúde pública dos países endêmicos. Em humanos, a infecção está relacionada ao repasto sanguíneo de triatomíneos que albergam tripomastigotas metacíclicas, forma infectante do parasito liberada nas fezes do vetor, sendo esta considerada a via clássica de transmissão no homem. No ambiente silvestre esta via parece não possuir importância na manutenção de tripanossomos nem na sua relação com morcegos (RANGEL *et al.*, 2019), embora a hematofagia em quirópteros por insetos infectados por *Trypanosoma* spp tenha sido mencionada por LIMA *et al.* (2015) como uma possível via de transmissão.

A estreita interação entre *Trypanosoma* spp. e seus hospedeiros, incluindo quirópteros, foi estudada por Hamilton *et al.* (2007), e os resultados demonstraram que a adaptação do hospedeiro parece desempenhar um papel mais expressivo na evolução dos tripanossomos do que a coespeciação, comumente associada nestas relações.

Na literatura, a hipótese mais aceita é a *Bat seeding*, que explica a origem do *T. cruzi* e aponta que esse parasito evoluiu de um tripanossomo presente em um morcego ancestral com evidências moleculares que sugerem que o *T. cruzi* surgiu de um clado amplo de tripanossomas de morcegos e se adaptou com sucesso a outros hospedeiros mamíferos do Velho e Novo Mundo (HAMILTON *et al.*, 2012).

Devido a tantas implicações levantadas entre quirópteros e micro-organismos associados a enfermidades zoonóticas ou potencialmente zoonóticas, atribui-se a importância do táxon quase que exclusivamente ao campo da saúde pública sem escopo para a integração de uma análise integrada e do valor intrínseco dos morcegos como espécie. É importante que as análises da saúde de morcegos e suas relações ecológicas hospedeiro - parasita, sejam consideradas e divulgadas a fim de promover também a mitigação para conservação dessas espécies, rompendo com estereótipos negativos e engessados. Sendo assim, é válido elucidar uma abordagem honesta e cuidadosa sobre a ecologia das doenças envolvendo morcegos, que

reflita a relevância da conservação da quiropteroфаuna e seu *habitat* no sentido de promover a saúde integrada entre morcegos, humanos e outros animais (AGUIRRE *et al.*, 2002; FARIA *et al.*, 2006; MORATELLI; CALISHER, 2015). Diante disso, entende-se que as contínuas descobertas de tripanossomos mantidos por morcegos justifiquem seus estudos e aumentem a relevância da investigação, sobretudo em áreas peculiares como nos remanescentes da Mata Atlântica associados a cabruças (LOBÃO *et al.*, 2011; HAMILTON *et al.*, 2012; RANGEL *et al.*, 2019; RODRIGUES *et al.*, 2019).

## 6.2 MATERIAL E MÉTODOS

### 6.2.1 Área de estudo

A região de estudo encontra-se no bioma Mata Atlântica no sistema agroflorestal cabruca no município de Ilhéus, Bahia. A Cabruca UESC - Universidade Estadual de Santa Cruz, (-14.794641696144861, -39.16961992486403) corresponde a um dos remanescentes de Mata Atlântica localizados no sul da Bahia, no município de Ilhéus. A região apresenta clima úmido com temperaturas médias anuais de 25°C e período chuvoso compreendido entre os meses de novembro a abril, sendo que os índices pluviométricos podem superar os 1.500 mm (WEATHER SPARK, 2023).

Foram escolhidos diferentes pontos amostrais na cabruca, com capturas distribuídas nos períodos seco e chuvoso.

### 6.2.2 População amostral e aspectos éticos

Para a realização deste estudo, considerou-se o cálculo amostral com 50% de prevalência, IC de 90% e erro esperado de 10%, totalizando a possibilidade de captura de até 270 exemplares.

As capturas foram realizadas sob a licença nº 80745-2 do Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (SISBIO) e os procedimentos autorizados pelo Comitê de Ética e Uso de Animais da UESC sob o nº protocolo 019/21.

### 6.2.3 Captura de indivíduos

Os morcegos foram capturados no horário vespertino-noturno, com uso de rede de neblina de 9 m x 3 m, com malha de 35 mm (Ecotone®), com inspeção a cada 30 minutos. Os animais foram recolhidos, contidos manualmente e, posteriormente, foram acondicionados individualmente em sacos de pano medindo 20 x 20 cm. A contenção física ocorreu conforme

recomendações para yangoquirópteros (CULLEN *et al.*, 2003) com uso obrigatório de equipamento de proteção individual (EPI) conforme protocolo preconizado pela Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros (SBEQ). Após a realização dos procedimentos previstos, os animais foram soltos na mesma área de captura. O esforço amostral preconizado para capturas com rede de neblina, foi dado pela multiplicação simples da área de cada rede pelo tempo de exposição, multiplicado pelo número de repetições (horas x dias) e, por fim, pelo número de redes segundo STRAUBE (2002). Logo, (9 x 3) x (6 horas x 8 dias) x (6 horas), totalizando um esforço amostral de 7.776m<sup>2</sup>.h.

#### 6.2.4 Desenho amostral

Seis redes de neblina foram colocadas em pontos específicos da cabruca – proximidade de corpos d'água, corredores de voo e árvores frutíferas. As capturas ocorreram das 18h às 00:00h com maior concentração em noites de baixa reflexibilidade lunar e chuvas, em torno de 5%.

#### 6.2.5 Avaliação inicial

Os quirópteros capturados foram previamente identificados através do guia de identificação “Morcegos do Brasil – Guia de campo” (REIS *et al.*, 2013) e contidos manualmente para avaliação física, pesagem e medição do comprimento do antebraço. Espécies ainda não catalogadas foram coletadas e, e incorporadas ao acervo científico e didático da Coleção de Mamíferos Alexandre Rodrigues Ferreira (CMARF) da UESC, através de projeto parceiro: “Inventário e monitoramento de morcegos do Horto Florestal do campus da UESC e fazendas do entorno”.

O exame físico (Figura 5) consistiu na sexagem, na avaliação das epífises ósseas - consolidadas ou não, que direcionou à estimativa de maturidade (filhote, juvenil e adulto), bem como do desgaste dentário. O desgaste foi classificado de acordo com a identificação de eventuais alterações macroscópicas em: ausência de alterações - 0; alteração de coloração dental – 1, sugerindo presença de placas; alteração de coloração do dente e presença de cálculo dentário ou adicionalmente a fratura – 2; e perda completa da unidade dentária associada a má condição de saúde bucal, não observada em nenhum dos exemplares capturados.



Figura 5 - Exame físico de indivíduo macho de *Carollia perspicillata*. Arquivo pessoal

Uma avaliação prévia da pelagem foi realizada, considerando coloração, distribuição de pelos, e avaliação de presença ou ausência de ectoparasitos. Presença de alterações morfológicas e lesões foram registradas, tais como escoriações e fraturas de membros. A coloração das mucosas foi verificada e classificada como normal, pálida e hiperêmica.

O grau de atividade dos morcegos capturados seguiu os seguintes critérios: ativo e responsivo – 1, quando o animal se apresentava hígido, comportamento reativo diante a contenção e exame físicos; não ativo e responsivo – 2, quando não havia resposta comportamental esperada diante da contenção e exame físicos como resistência ou tentativa de fuga, mas resposta mínima aos estímulos empregados; não ativo e não responsivo – 3, quando as respostas aos estímulos eram mínimos, sugerindo níveis de estresse associados a hipoglicemia, em decorrência do processo de captura no período de forrageamento e da contenção física.

O grau de desidratação foi sugestivo a partir do turgor da pele, e umectação das mucosas ocular e oral. A gradação se deu em: sem alterações; leve – ressecamento discreto da mucosa oral; moderado – ressecamento notável das mucosas, sobretudo oral; e grave – ressecamento marcado das mucosas associado a baixa resposta aos estímulos empregados durante a contenção física e exame físico. O índice de condição corporal (ICC) foi classificado em caquético - 1,

magro – 2, normal – 3. O status reprodutivo foi verificado e classificado em: machos escrotados (ME), machos não escrotados (MNE), fêmeas gestantes (FG), fêmeas lactantes, e fêmeas não gestantes (NG) e não lactantes (NL). A obtenção de dados biométricos consistiu na pesagem através de pesola Linha Light® e saco de pano individual e a medição do comprimento do antebraço através de paquímetro Disma®.

#### 6.2.6 Coleta de dados

Todos os dados foram inseridos em planilha junto às coordenadas da unidade amostral através de sistema de posicionamento global (GPS), data, período lunar, estação seca ou chuvosa e tipo de intempérie climática. Também foram coletados os horários de captura e da soltura (Anexo G).

#### 6.2.7 Coleta de sangue

A coleta de sangue ocorreu após antissepsia com álcool 70%, utilizando-se agulhas hipodérmicas (13 x 0,45mm) e seringas descartáveis (1 mL). Foi coletado até 1% de sangue em relação ao peso corporal de cada indivíduo. As amostras sanguíneas foram obtidas através da punção da veia ulnar, em ângulo de 45°, com o espécime contido em decúbito dorsal e membro torácico da coleta abduzido. As seringas foram previamente preparadas com Etilenodiamino Tetra-Acético (EDTA) na dosagem de 0,02 mL para cada 0,1 mL de sangue. As amostras foram acondicionadas em tubos do tipo Eppendorf sem anticoagulante. O manejo durou em média 7 minutos por animal, a fim de minimizar o estresse gerado pela manipulação do espécime. Animais coletados para a CMARF ou que foram a óbito foram puncionados por via intracardiaca (Figura 6).



Figura 6 - Coleta de sangue em veia ulnar de *Carollia perspicillata*. Arquivo pessoal

#### 6.2.8 Necropsia

Exemplares que foram a óbito durante o manejo ou que foram coletados para o CMARF foram necropsiados e fragmentos de órgãos (fígado, baço, coração) foram coletados e armazenados em microtubos Eppendorf® estéreis a -20 graus Celsius para posterior análise molecular de *Trypanosoma* spp e/ou identificação da espécie de quiróptero.

#### 6.2.9 Diagnóstico Molecular

O DNA genômico foi extraído das amostras de sangue total através do kit comercial Easy-DNA® (Invitrogen), conforme instruções do fabricante. O DNA extraído foi quantificado em NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, USA), armazenado em caixas e acondicionados em freezer sob temperatura de -20°C até a realização da técnica molecular.

A pesquisa de infecção por *Trypanosoma* spp se deu através de Reação em Cadeia Polimerase (*Nested*/ PCR) a partir da investigação da subunidade 18 SSU rDNA. Na primeira etapa foram utilizados os *primers* TRY927F (5'GAAACAAGAAACACGGGAG3') e TRY927R (5'CTACTGGGCAGCTTGGA3'), sendo o fragmento esperado de 900 pb. Na segunda etapa utilizaram-se os *primers* TRY561F (5'TGGGATAACAAAGGAGCA3') e

TRY561R (5'CTGAGACTGTAACCTCAAAGC3'), sendo o tamanho de fragmento esperado de 600 pb.

As reações de PCR e *Nested*/PCR foram realizadas nas mesmas condições num volume final de 25 µL, contendo 2,5µL de buffer, 200 µM de dNTPs, 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 10 µmol de cada *primer*, 1,0 U de Platinum® Taq DNA Polymerase (Invitrogen) e 2,0 µL do DNA da amostra e 5 µL para o amplicon. As condições de amplificação foram expressas seguido de uma desnaturação inicial de 95°C por 15 segundos, seguindo com 30 ciclos (94°C por 15 segundos, 55°C por 60 segundos e extensão e extensão final para de 72°C por 92 segundos e 7 minutos, respectivamente (RANGEL *et al.*, 2019).

Todas as reações foram realizadas no termociclador Proflex™ PCR System (Applied Biosystems®). Os produtos das reações primárias e secundárias (8 µL) foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1,0%, revelados com sybr® safe e foto documentados. Nas reações foram utilizados controles positivos provenientes de cultura de formas epimastigotas de *T. cruzi*, cepa TcII. Para os controles negativos substituiu-se o DNA por água ultrapura estéril.

#### 6.2.10 Sequenciamento genético

Os amplicons obtidos foram purificados pelo kit Purelink® PCR purification (Invitrogen) e enviados para sequenciamento no Instituto Oswaldo Cruz (FIOCRUZ-BA). O sequenciamento foi realizado em eletroforese capilar (Sanger modificado) na plataforma *ABI 3500XL Genetic Analyzer* (Applied Biosystems) em ambas as direções. A análise, edição e construção de sequências foram realizadas com os *softwares* SeqMan<sup>1</sup> e BioEdit v. 7.2<sup>2</sup>.

#### 6.2.11 Confirmação taxonômica

A identificação das espécies ocorreu pela análise de similaridade das sequências obtidas, com o uso do algoritmo BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), comparando-as com sequências de referência do banco de dados GenBank®, do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Foram adotados os seguintes critérios de definição de espécie: (I) cobertura de 100%; (II) *e-value* igual a 0.0; (III) identidade mínima de 99%. O alinhamento das sequências também foi feito com o *software* BioEdit e a construção da árvore filogenética no *software* MEGA, utilizando o método de Neighbour-Joining (NJ) (modelo Kimura 2 parâmetros com 1000 *bootstraps*). Quando o resultado do sequenciamento não

<sup>1</sup>DNASTAR®, Inc. – Madison/WI (EUA).

<sup>2</sup> Tom Hall – Ibis Therapeutics – Carlsbad/CA (EUA).

garantiu a identificação da espécie de tripanosomatídeo envolvida na infecção, adotou-se como classificação o táxon seguinte, sempre buscando aquele menos abrangente que pudesse ser identificado pelos métodos e modelos empregados no uso do *software* MEGA.

### 6.2.12 Análise estatística

A análise estatística descritiva foi realizada no programa Microsoft Excel.

## 6.3 RESULTADOS

### 6.3.1 Quiropterofauna analisada

Foram capturados 153 morcegos submetidos a exame físico e coleta de sangue para pesquisa molecular de *Trypanosoma* spp, sendo 69 machos (45%) e 84 fêmeas (55%). O número de machos não escrotados foi superior (40 – 58%) aos machos escrotados (29- 42%). A maior parte das fêmeas eram não lactantes e não gestantes (74 -88%), enquanto as fêmeas gestantes totalizaram seis indivíduos (7%) e lactantes quatro indivíduos (4,8%). (Figura 7)

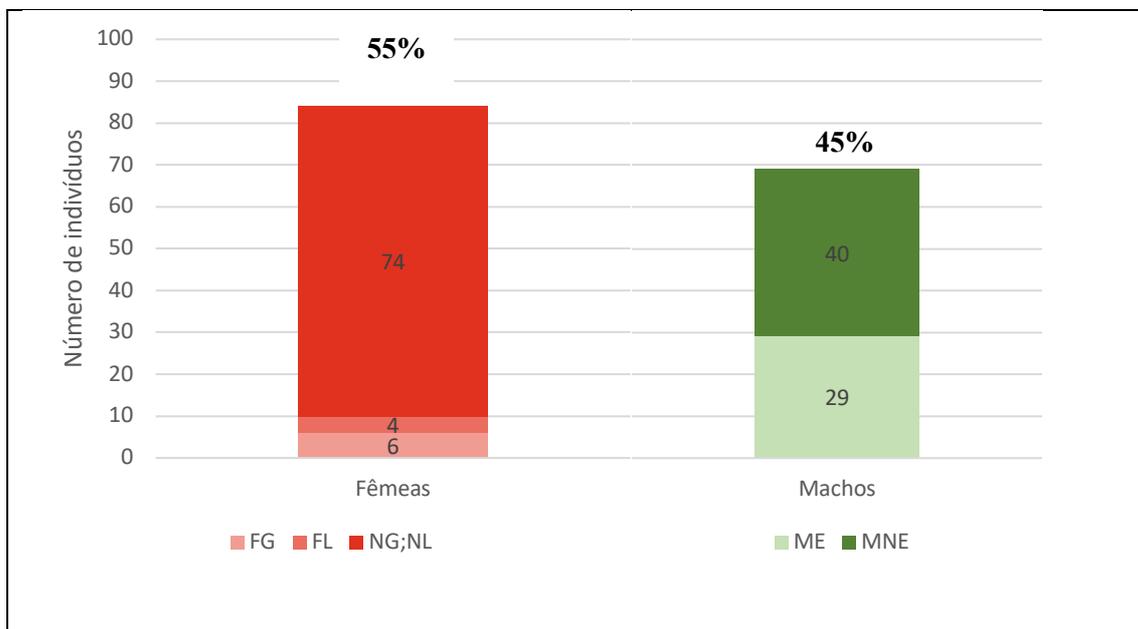


Figura 7 - Razão sexual de morcegos capturados na Cabruca UESC

A riqueza foi de 14 espécies (Figura 8), e as mais abundantes foram *Carollia perspicillata* (107/153), seguida de *Myotis* sp (10 /153), *Trachops cirrhosus* (08/153) e *Artibeus fimbriatus* (07/153).

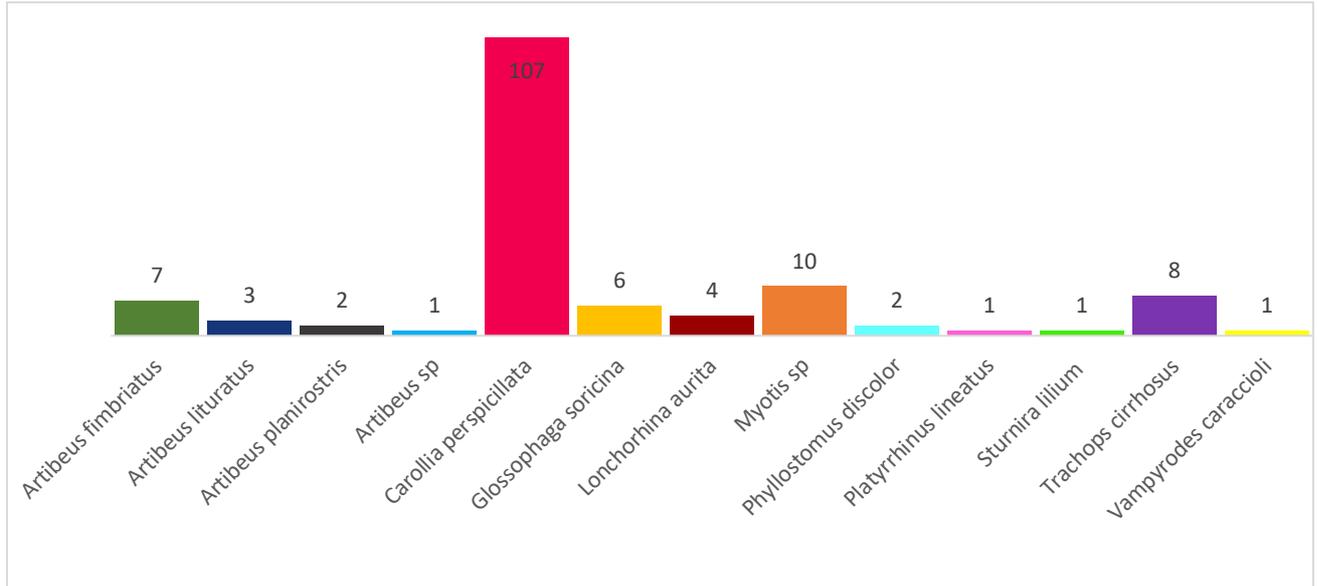


Figura 8 - Riqueza e abundância de morcegos capturados na Cabruca UESC

A espécie *Vampyroides caraccioli*, com 01 indivíduo capturado, é geralmente relatada em pequena abundância em inventários, o que torna o registro raro.

As capturas ocorreram em distintos períodos lunares, exceto lua cheia, na qual não foram realizadas campanhas. A maior parte dos espécimes foram capturados no período de lua crescente e/ou nova. A alta abundância de *C. perspicillata* pôde ser observada em todos os períodos, sobretudo, na época de lua crescente. *Trachops cirrhosus* apresentou mais indivíduos capturados na lua nova (Figura 9).

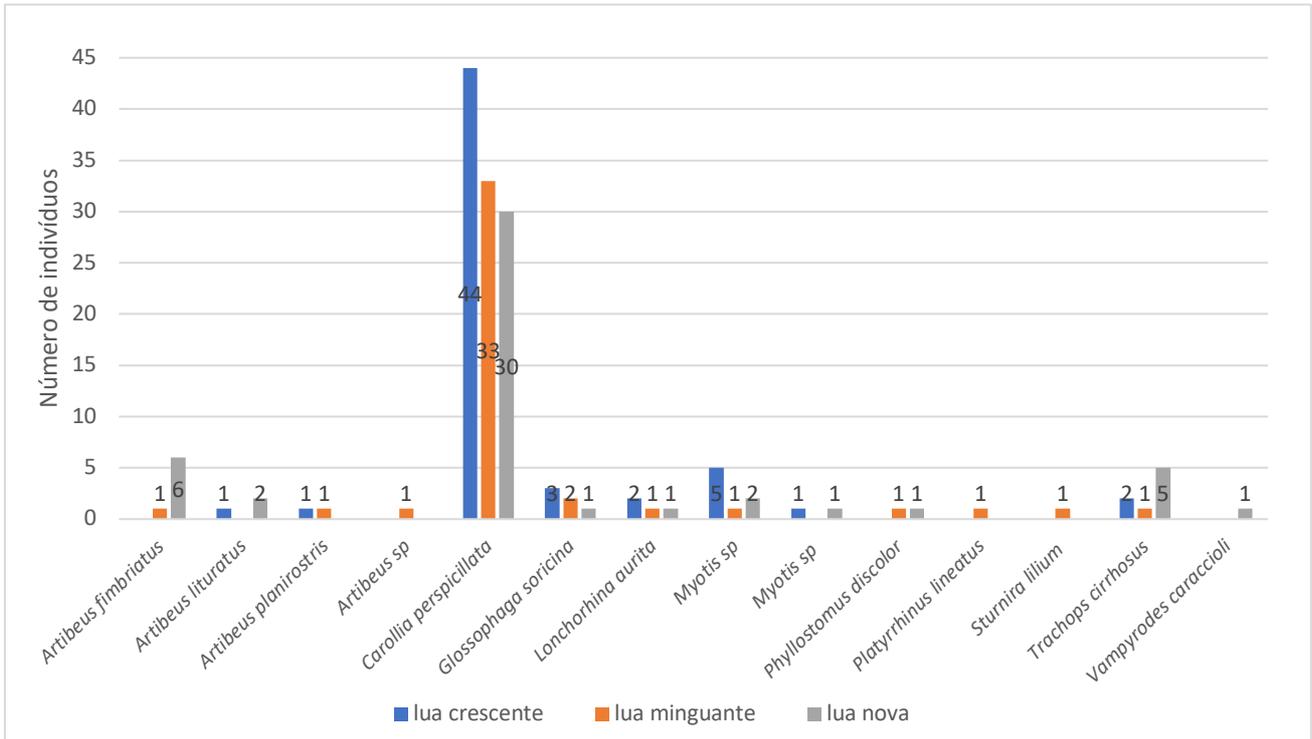


Figura 9 - Riqueza e abundância de morcegos capturados na Cabruca UESC de acordo com período lunar

O período de campanhas de captura consistiu nos meses de julho, setembro e dezembro de 2021; e março, abril, maio e julho de 2022. A maior abundância de espécies capturadas ocorreu em dezembro de 2021 (período chuvoso) e maio de 2022 (período seco). Os espécimes de *Myotis sp* foram capturados em maior proporção no período seco (Figura 10).

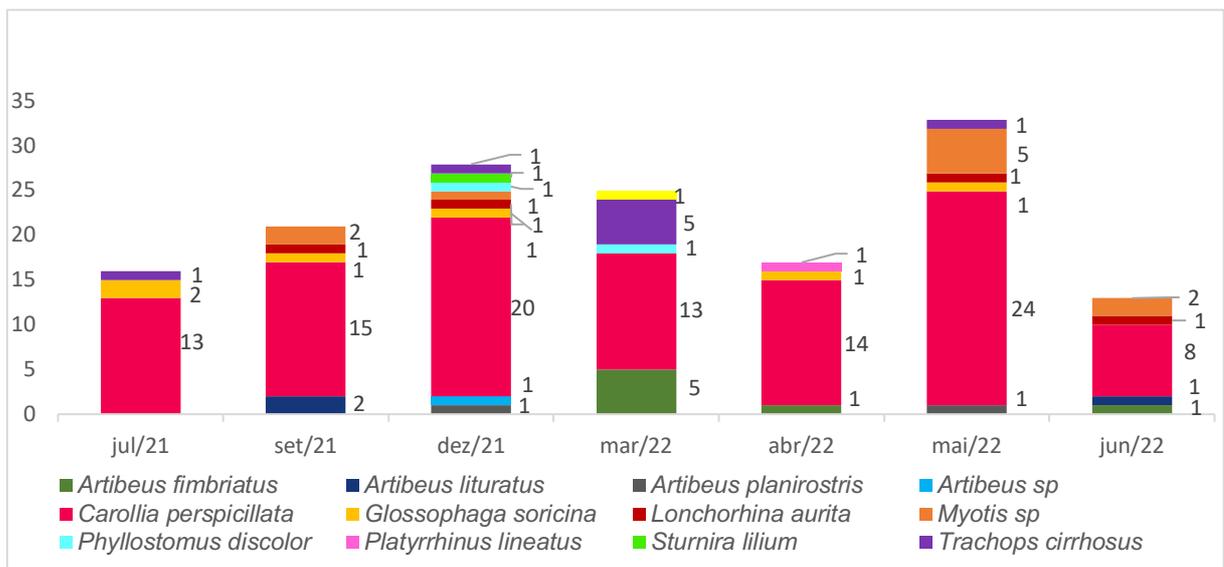


Figura 10 - Riqueza e abundância de morcegos capturados de acordo com a época do ano

De acordo com os meses das coletas, é possível observar diferenças na maturidade dos exemplares, com maior frequência de filhotes capturados em dezembro de 2021 e março, abril, maio de 2022 em relação aos demais meses, em que nenhum filhote foi coletado. Assim, nota-se também a predominância de adultos seguido de juvenis em todos os períodos de captura (Figura 11).

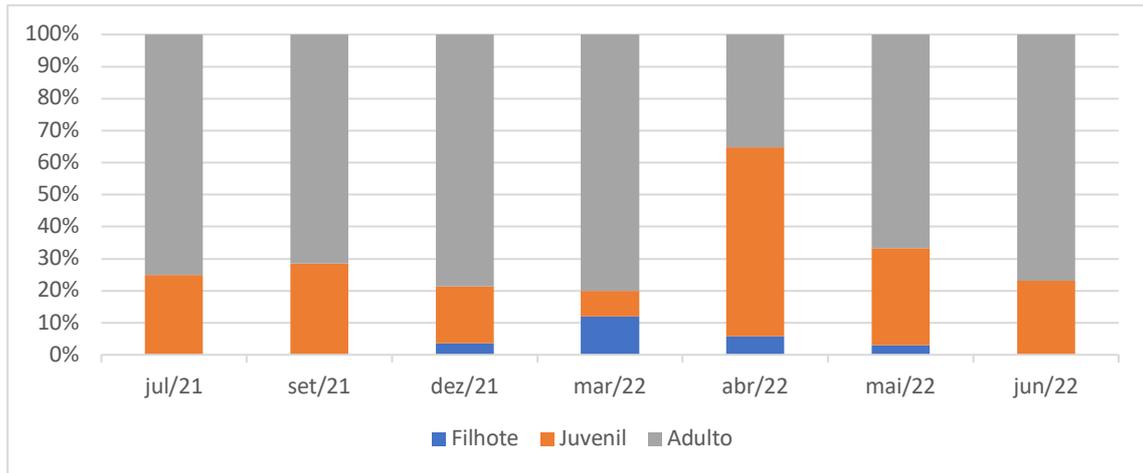


Figura 11 - Maturidade de morcegos capturados por período de expedições

Os morcegos filostomídeos representaram 93% das capturas (143 indivíduos), enquanto vespertilionídeos, 7% (10 indivíduos) do gênero *Myotis*.

Quanto às guildas tróficas é possível observar a maior proporção da riqueza de quirópteros frugívoros (9 /14 espécies), representados por *Carollia perspicillata*, *Artibeus* sp, *Artibeus planirostris*, *Artibeus lituratus*, *Artibeus fimbriatus*, *Vampyrodes caraccioli*, *Platyrrhinus lineatus*, *Phyllostomus discolor* e *Sturnira lilium*. Em seguida, os insetívoros (2/14 espécies) *Myotis* sp e *Lonchorhina aurita*. Os morcegos nectarívoros (1/14 espécies) representados por *Glossophaga soricina* e carnívoros (1/14 espécies) retratados por *T. cirrhosus*.

### 6.3.2 Dados ecoepidemiológicos e avaliação clínica de morcegos infectados por *Trypanosoma* spp.

Dos morcegos capturados, 28 espécies foram positivas para *Trypanosoma* spp, sendo a maior parte delas *C. perspicillata* com 22 indivíduos. Também foram encontrados infectados quatro indivíduos de *T. cirrhosus*. Um exemplar de *Artibeus fimbriatus* e um de *Phyllostomus discolor*.

As taxas de infecção por *Trypanosoma* sp. em relação ao hábito alimentar do hospedeiro foram preponderantes em morcegos frugívoros (24 indivíduos - 85,7%), sobretudo em *Carollia perspicillata*, espécie mais abundante (22 indivíduos - 78,57%). Em seguida, em morcegos carnívoros (4 indivíduos - 14,3%).

Conforme a tabela 3, observou-se que a maioria dos morcegos infectados foram filostomídeos frugívoros (à exceção de *T. cirrhosus* – filostomídeo carnívoro) capturados na estação chuvosa. Quanto ao período lunar, notou-se que a maioria dos quirópteros infectados (13/28) foram capturados na lua minguante, também no período chuvoso, representados por *C. perspicillata* (12/13) e *P. discolor* (1/13). Todas as capturas de morcegos infectados por *Trypanosoma* spp. durante a lua nova também se concentraram exclusivamente no período chuvoso, com 10/28 indivíduos capturados, das espécies *C. perspicillata* (5/10), *T. cirrhosus* (4/10) e *A. fimbriatus* (1/10). O período de lua crescente foi o que apresentou menor riqueza e abundância de espécies capturadas infectadas com 5/28 exemplares de *C. perspicillata*.

Quanto aos parâmetros físicos observados, notou-se que todos dos animais apresentavam índice de condição corporal (ICC) entre “2” e “3”, magro (6/28) e normal (22/28), respectivamente. Em relação à coloração das mucosas, todos os morcegos apresentaram aspecto dentro da normalidade, exceto os indivíduos UC027, UC058 e UC080 (coloração pálida para os dois primeiros e hiperêmica para o último). O grau de hidratação foi considerado normal para a maioria dos animais, à exceção do exemplar UC080, que foi caracterizado com desidratação leve.

Quanto ao desgaste dentário, 21/28 morcegos não apresentaram alterações aparentes. Enquanto quatro indivíduos apresentaram alterações de grau “1”, incluindo UC058 e UC080. Apenas duas fêmeas de *C. perspicillata* demonstraram alterações de grau “2” e ambas também apresentavam escoriações recentes em asa e orelha externa, que são regiões de maior exposição, provavelmente originadas pela captura em rede de neblina. Um único indivíduo, UC027, apresentou grau “3” na avaliação dentária.

A maior parte dos morcegos infectados capturados consistiram em adultos, totalizando 22 animais (78,6%), sendo apenas seis juvenis (21,4%).

Quanto ao sexo dos animais infectados 13 (46,4%) eram machos, sendo sete escrotados (ME) e seis não escrotados (MNE); e 15 (53,6%) fêmeas, sendo que três delas gestantes (FG) e 12 não gestantes e não lactantes (NG, NL).

A maior parte (19 indivíduos – 67,9%) dos morcegos infectados se apresentou como “ativo e responsivo - 1”. Por outro lado, oito exemplares, todos de *C. perspicillata*, foram avaliados como “não ativo e responsivo - 2”, e apenas o indivíduo UC080 foi não responsivo,

evoluindo para o óbito poucos minutos após o manejo. Este exemplar consistiu numa fêmea juvenil de *C. perspicillata* com alterações clínicas acentuadas em relação aos morcegos capturados. Apesar da boa condição corporal - avaliada como normal - se apresentou não responsiva a estímulos de manipulação durante o manejo.

Além disso, foram observadas mucosas hiperêmicas, presença de placas multifocais de coloração amarelada nos dentes, manchas esbranquiçadas disseminadas nas asas, mucosas ocular e oral ressequidas, sugerindo grau leve de desidratação aparente. O quadro acabou evoluindo para o óbito do animal. A necropsia foi realizada e nenhuma alteração macroscópica nos órgãos internos digna de nota foi encontrada. Procedeu-se a coleta de fragmentos de coração, fígado e baço para análise molecular de *Trypanosoma* spp. O resultado foi negativo para a *Nested* / PCR a partir de amostras de tecido, porém positiva para a amostra sanguínea.

O indivíduo UC027 também apresentou alterações clínicas tais como mucosas pálidas e presença de pontos esbranquiçados disseminados nas asas, além de cálculo dentário e manchas discretas escurecidas nos dentes na região periondontal, distribuídas de forma multifocal. Era uma fêmea que apresentava bom índice corporal, gestação, e grau de atividade avaliado como normal (ativo e responsivo).

O morcego UC058 correspondia a um *T. cirrhosus*, adulto, fêmea, de condição corporal magra, ativo e responsivo, que apresentou mucosas pálidas e desgaste dentário caracterizado como grau “1” com alteração apenas em um dente - incisivo superior esquerdo -, sugestiva de fratura não recente com perda de polpa dentária.

Tabela 3 - Parâmetros observados no exame físico dos morcegos capturados na Cabruca UESC. Recorte do perfil de espécimes positivos para *Trypanosoma* spp.

Período	Identificação	Espécie	Guilda	Família	Período lunar	Sexo	Maturidade	Peso	Status reprodutivo	ICC	Desgaste dentário	Hidratação	Coloração mucosas	Grau de atividade	Observações	Presença de <i>Trypanosoma</i> spp
seco	P04	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua crescente	M	Adulto	18,0g	MNE	3	0	normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
seco	P09	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua crescente	F	Adulto	14,5g	NG; NL	3	0	normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
seco	P10	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua crescente	F	Juvenil	15,5g	NG; NL	3	0	normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
seco	P13	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua crescente	M	Adulto	16,5g	MNE	3	0	normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
seco	UC010	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua crescente	M	Adulto	16,0g	ME	3	0	normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
chuvoso	UC024	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	M	Juvenil	20,0g	MNE	3	0	normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC026	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	15,0g	NG; NL	2	2	Normal	normal	não ativo e responsivo:2	escoriação em asas, próximo ao dígito I das mãos	positiva
chuvoso	UC027	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	40,0g	FG	3	3	Normal	Pálida	ativo e responsivo:1	pontos brancos disseminados nas asas	positiva
chuvoso	UC028	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	M	Adulto	20,0g	ME	2	1	Normal	normal	ativo e responsivo:1	fezes amolecidas, retração de testículo esquerdo, escoriação em comissura labial esquerda	positiva
chuvoso	UC031	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	25,0g	FG	2	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva

Período	Identificação	Espécie	Guildd	Família	Período lunar	Sexo	Maturidade	Peso	Status reprodutivo	ICC	Desgaste dentário	Hidratação	Coloração mucosas	Grau de atividade	Observações	Presença de <i>Trypanosoma</i> spp
chuvoso	UC033	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	15,0g	FG	2	1	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC039	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	M	Adulto	15,0g	MNE	3	0	Normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
chuvoso	UC040	<i>Phyllostomus discolor</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	40,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC045	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	25,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	não ativo e responsivo:2		positiva
chuvoso	UC050	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	M	Juvenil	15,0g	ME	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC051	<i>Trachops cirrhosus</i>	Carnívoro	Phyllostomidae	lua nova	F	Adulto	30,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC055	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	F	Adulto	15,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1	fêmea com filhote UC056	positiva
chuvoso	UC057	<i>Trachops cirrhosus</i>	Carnívoro	Phyllostomidae	lua nova	M	Adulto	30,0g	ME	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1	hematoma e escoriação na região do úmero direito	positiva
chuvoso	UC058	<i>Trachops cirrhosus</i>	Carnívoro	Phyllostomidae	lua nova	F	Adulto	21,0g	NG; NL	2	1	Normal	Pálida	ativo e responsivo:1	suspeita de fratura dentária com perda de polpa em incisivo superior esquerdo	positiva
chuvoso	UC060	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	M	Adulto	15,5g	ME	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva

Período	Identificação	Espécie	Guilda	Família	Período lunar	Sexo	Maturidade	Peso	Status reprodutivo	ICC	Desgaste dentário	Hidratação	Coloração mucosas	Grau de atividade	Observações	Presença de <i>Trypanosoma</i> spp
chuvoso	UC061	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	F	Adulto	15,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1	escoriação no antebraço esquerdo	positiva
chuvoso	UC065	<i>Trachops cirrhosus</i>	Carnívoro	Phyllostomidae	lua nova	M	Adulto	30,0g	ME	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC066	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	F	Adulto	20,0g	NG; NL	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC068	<i>Artibeus fimbriatus</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua nova	M	Adulto	50,0g	ME	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC076	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Adulto	20,0g	NG; NL	3	2	Normal	normal	não ativo e responsivo:2	escoriação em orelha externa esquerda	positiva
chuvoso	UC080	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	F	Juvenil	15,0g	NG; NL	3	1	desid leve	hiperêmica	não responsivo:3	manchas esbranquiçadas disseminadas nas asas. Sugestivo de infecção fúngica. Óbito.	positiva
chuvoso	UC082	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	M	Juvenil	17,0g	MNE	3	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva
chuvoso	UC085	<i>Carollia perspicillata</i>	Frugívoro	Phyllostomidae	lua minguante	M	Juvenil	15,5g	MNE	2	0	Normal	normal	ativo e responsivo:1		positiva

### 6.3.3 Biologia molecular, sequenciamento genético e árvore filogenética

Dos 153 morcegos capturados foram obtidas 135 amostras viáveis de coágulo sanguíneo que foram submetidas à extração de DNA e *Nested* / PCR. Destas, 28 (20,74%) foram positivas para pesquisa de *Trypanosoma* spp.

As 15 melhores bandas foram escolhidas para sequenciamento genético pela FIOCRUZ-BA (Figura 12), tendo sido obtidas oito sequências satisfatórias (Tabela 4).

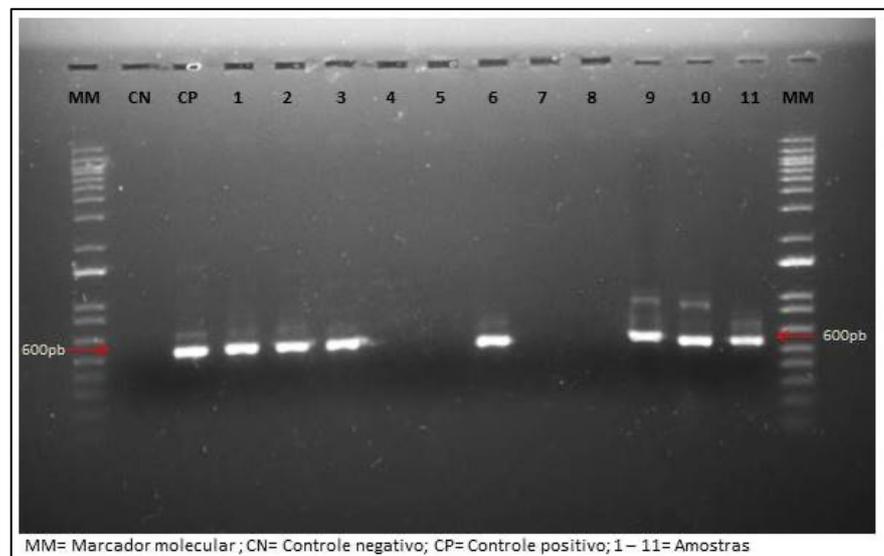


Figura 12 – Fotografia de eletroforese em gel agarose 2,0%, com SYBR® Safe DNA Gel Stain (Invitrogen®). Amplímeros da *Nested* / PCR para *Trypanosoma* spp. obtidos com oligonucleotídeos iniciadores TRY561F/TRY561. MM: marcador de peso molecular em escala 1KB Plus DNA Ladder (Invitrogen®), CN: controle negativo, CP: controle positivo (600 pb), canaletas 1, 2, 3, 6, 9, 10 e 11: amostras positivas, canaletas 4, 5 e 7: amostras negativas. Arquivo pessoal.

Tabela 4 - Tripanossomos encontrados a partir de sequenciamento genético em morcegos infectados da Cabruca UESC.

Parasitas	Hospedeiros
<i>Trypanosoma</i> sp Neobat 1	<i>Trachops cirrhosus</i> (1)
<i>Trypanosoma</i> sp Neobat 4	<i>Carollia perspicillata</i> (6)
<i>Trypanosoma dionisii</i>	<i>Carollia perspicillata</i> (1)

Além das amostras sequenciadas neste estudo, foram incluídas como referência nas análises filogenéticas, duas sequências pertencentes a *Trypanosoma*. sp. Neobat 4 (Acre e Rio de Janeiro), duas de *Trypanosoma*. sp. Neobat 1 (Rio Grande do Norte), duas de *Trypanosoma*

*wauwau* (Suriname), duas de *Trypanosoma* sp. Neobat 2 (Paraíba e Mato Grosso do Sul), duas de *Trypanosoma* sp. Neobat 3 (Paraíba e Mato Grosso do Sul), duas de *Trypanosoma dionisii* (Rio de Janeiro) e duas de *Trypanosoma livingstonei* (Moçambique), representando o grupo externo (Figura 13) (Anexo H).

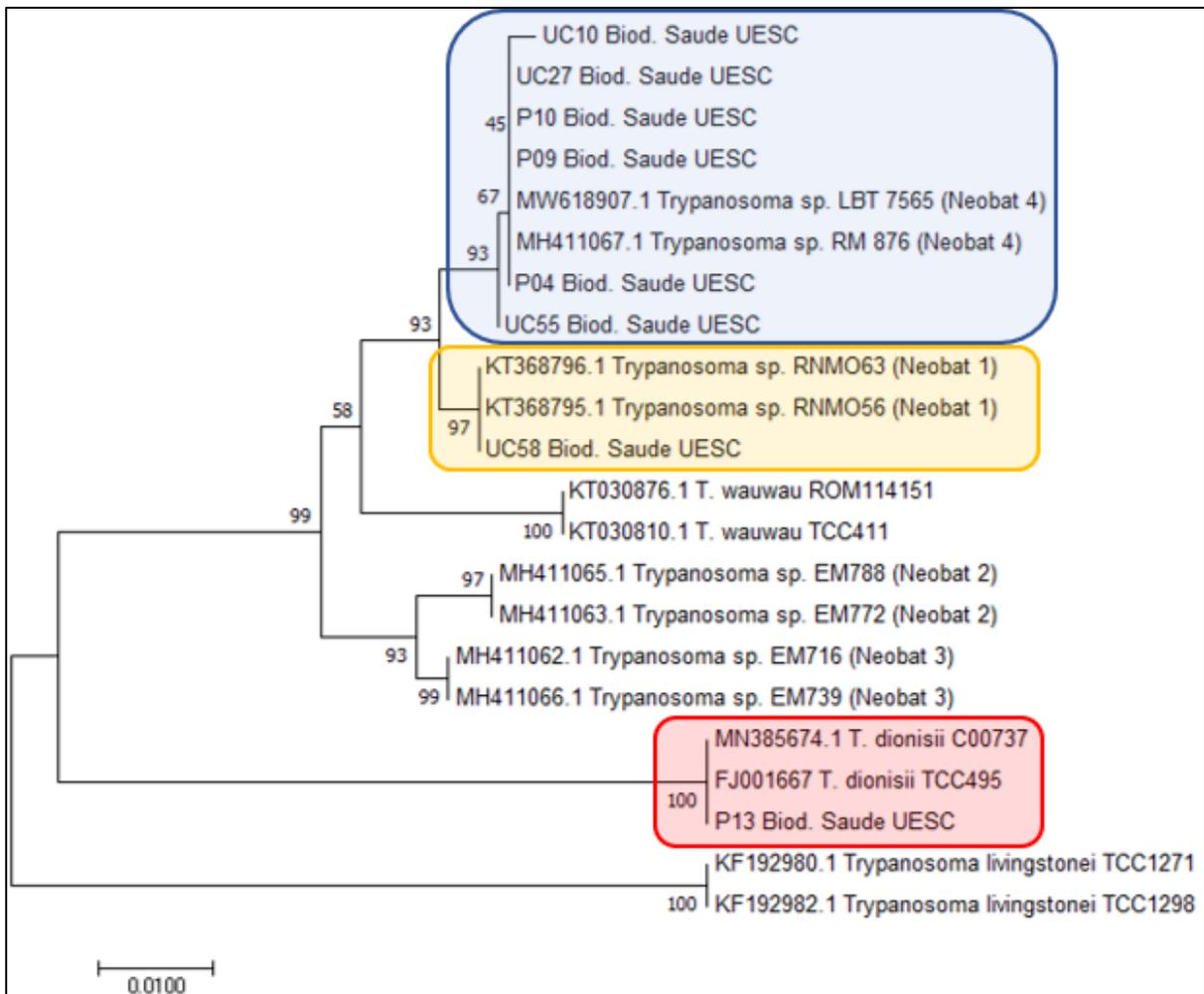


Figure 13 - Árvore filogenética reconstruída a partir de sequências do gene 18S SSU rDNA de parasitos do gênero *Trypanosoma*, pertencentes aos clados *T. cruzi* e *T. wauwau*, oriundos de oito morcegos. Foram utilizadas 22 sequências nucleotídicas na análise, sendo 14 previamente publicadas. Os números nos nós correspondem aos valores de apoio estatístico das inferências pelo método de Neighbor-Joining (NJ) (modelo 2 parâmetros de Kimura), derivado de 1000 replicações de *bootstrap*.

Os tripanossomos Neobats 1 - 4 consistem em Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs), que integram o clado *Trypanosoma wauwau*, enquanto *T. dionisii* é uma espécie que compõe o clado *T. cruzi*.

## 6.4 DISCUSSÃO

Morcegos são considerados micro-habitat de uma ampla gama de organismos. Dentre estes, alta diversidade de tripanossomos, específicos e generalistas, compõe um intrincado cenário ecossistêmico na quiropterofauna (HAELEWATERS *et al.*, 2018).

Neste estudo, os resultados demonstraram uma elevada taxa de infecção por *Trypanosoma* spp. (20,74%) nos morcegos avaliados. As amostras sequenciadas corresponderam a *Trypanosoma* sp. Neobat 1, *Trypanosoma* sp. Neobat 4 e *T. dionisii*, sendo o primeiro identificado em *Trachops cirrhosus* e os dois últimos em *Carollia perspicillata* em infecções não mistas.

Os tripanossomos Neobats são MOTUs que compreendem um complexo e heterogêneo grupo de parasitos que demonstram diferentes estratégias de sobrevivência, exibindo características tanto de relação espécie-específicas quanto generalistas com os hospedeiros, o que eventualmente sugere diferentes papéis ecológicos desempenhados (ALVES *et al.*, 2021; RODRIGUES *et al.*, 2019).

Segundo ALVES *et al.* (2021), os *Trypanosoma* spp Neobats 1 - 5 foram relatados infectando diferentes gêneros de morcegos neotropicais. *Trypanosoma* sp. Neobat 1 apresenta a maior variedade, tendo sido relatado em *Artibeus jamaicensis*, *Trachops cirrhosus*, *Sturnira tildae*, *Desmodus rotundus* e *Carollia perspicillata*. Já o *Trypanosoma* sp Neobat 2 foi registrado causando infecção em *Artibeus jamaicensis*, *A. lituratus* e *A. planirostris*. *Trypanosoma* sp. Neobat 3 já foi observado em *A. jamaicensis*, *A. lituratus* e *A. cinereus*, enquanto *Trypanosoma* sp. Neobat 4 parece ser específico do gênero *Carollia* com altas taxas de infecção em *C. perspicillata*. *Trypanosoma* sp. Neobat 4 também já foi descrito nesta espécie na Mata Atlântica do Rio de Janeiro (RODRIGUES *et al.*, 2019). Por fim, *Trypanosoma* sp. Neobat 5 – uma nova MOTU, foi identificado em *Artibeus cinereus*.

Em conformidade com estudos de Alves *et al.* (2021), o presente trabalho encontrou *Trypanosoma* sp. Neobat 1 infectando *T. cirrhosus* e *Trypanosoma* sp. Neobat 4 em exemplares de *C. perspicillata*, ampliando a área de ocorrência desses parasitas para o estado da Bahia. Adicionalmente, *T. dionisii* também passa a integrar novo registro em morcegos na região, tendo sido encontrado em um exemplar de *C. perspicillata* nesta pesquisa. *Trypanosoma dionisii* consiste em uma das espécies mais descritas de tripanossomos que compõem o clado *T. cruzi*, encontrada tanto no Velho como Novo Mundo com cepas muito relacionadas que sugerem um trânsito de hospedeiros datado de até 5 milhões de anos (HAMILTON *et al.*, 2012). É considerada restrita a morcegos, embora exista registro de infecção em tecido cardíaco humano, justificada por um grau de patogenicidade similar a *T. cruzi*, como a capacidade de

invadir células não fagocíticas de mamíferos e a formação de ninhos de amastigotas e pseudocistos, manifestando seu tropismo tissular por coração, diafragma, músculos do esterno, mucosa intestinal e ovário dos morcegos (OLIVEIRA *et al.*, 2009). Esses achados sugerem que o *T. dionisii* pode afetar adversamente a saúde de seus hospedeiros mamíferos (AUSTEN; BARBOSA, 2021). Ele consiste no integrante do subgênero Schizotrypanum, mais distante filogeneticamente de *T. cruzi*, porém também alterna seu ciclo de vida nas formas epimastigota e tripomastigota metacíclica em hospedeiros invertebrados, e formas tripomastigota sanguíneas e amastigotas em mamíferos, compartilhando com *T. cruzi* alguns epítomos (OLIVEIRA *et al.*, 2013).

Infecções experimentais demonstraram a associação a vetores da família Cimicidae (percevejos) implicados na transmissão de *T. dionisii* em morcegos (MOLYNEUX, 1991). Os Cimicidae são hematófagos e relacionam-se a vertebrados representados por quirópteros, aves e humanos. Sabe-se que 13 dos 23 gêneros reconhecidos, estão estritamente associados a morcegos, e no meio silvestre, esses insetos são achados em ocos de árvores e cavernas (FORATINNI, 1990; LIMA *et al.*, 2015). Além de percevejos, *T. dionisii* já foi encontrado em triatomíneos (*Triatoma vitticeps*) do município de Guarapari, Espírito Santo, Brasil (DARIO *et al.*, 2017).

O comportamento social, hábitos e abrigos utilizados por morcegos podem compreender informações valiosas a respeito do ciclo de transmissão de tripanossomos no táxon. As relações cooperativas de morcegos como o *grooming* (ingestão de ectoparasitas), e compartilhamento de alimento regurgitado de mães para seus filhotes, consistem em comportamentos que podem contribuir para a transmissão mecânica de tripanossomos (AUSTEN; BARBOSA, 2021). Bem como a hematofagia em quirópteros por insetos infectados por esses parasitas (LIMA *et al.*, 2015). Além disso, vale ressaltar que a dieta de morcegos ancestrais incluía basicamente insetos - exceto daqueles morcegos hematófagos. Sendo assim, as demais guildas ainda podem incluir insetos em suas dietas indicando uma possível via oral de infecção (CARRILLO-ARAUJO *et al.*, 2015; AUSTEN; BARBOSA, 2021).

*Artibeus* e *Carollia* incluem espécies de quirópteros que estão entre as mais abundantes e difundidas nos Neotrópicos (GARDNER, 2008). O segundo gênero inclui as espécies *Carollia perspicillata* e *C. brevicauda*, que ocorrem em simpatria ao longo da maior parte de suas distribuições geográficas (HOFFMANN e BAKER, 2003). Ambos os gêneros compreendem hábitos predominantemente frugívoros (GIANNINI e KALKO, 2004) e podem complementar sua dieta com insetos (YORK e BILLINGS, 2009; GUEDES *et al.*, 2020).

Das espécies de morcegos predominantemente insetívoras, capturadas neste trabalho, destacam-se *Myotis* sp e *Lonchorhina aurita*, ambas com resultado negativos para presença de *Trypanosoma* spp. Os espécimes de *Myotis* foram coletados para posterior confirmação da espécie, pois apresentam um conservadorismo fenotípico acentuado, que dificulta a delimitação e identificação dos exemplares deste gênero, bem como o entendimento da diversidade, distribuição e relações filogenéticas dos táxons (NOVAES *et al.*, 2022). A definição dos padrões de distribuição, também é comprometida devido à seletividade do método de amostragem utilizado na maioria dos estudos - redes de neblina, por não serem adequadas à captura da maioria dos vespertilionídeos. A literatura cita consumo alimentar por vespertilionídeos de insetos das ordens Diptera, Coleoptera, e Hemiptera – ordem que alberga triatomíneos e percevejos (AGUIAR *et al.*, 2021; REIS *et al.*, 2007).

Neste estudo, um dos exemplares foi identificado como *M. albescens*, estendendo sua área de ocorrência em 500 quilômetros dentro do estado da Bahia, do Rio Mucuri até a região sul, no município de Ilhéus. É uma das espécies mais amplamente distribuídas do gênero, ocorrendo desde o sul do México até a Argentina em diversos *habitats* geralmente em altitudes abaixo de 500 metros. Não possui *status* de conservação especial, mas é raro ou incomum em muitas áreas (BRAUN, 2009).

*Lonchorhina aurita* – família dos filostomídeos, também é considerada uma espécie rara, apesar da ampla distribuição do México até o Brasil (ICMBIO, 2018). Até o ano passado, *L. aurita* constava na lista de espécies ameaçadas do Livro Vermelho de 2018, com estado de conservação “vulnerável”. Porém, foi removida na última atualização da lista lançada na Portaria do Ministério do Meio Ambiente (MMA) n° 148, de 7 de junho de 2022 (ICMBIO, 2022). Alimenta-se de lepidópteros (borboletas, mariposas), coleópteros (besouros), dípteros (moscas, mosquitos), ortópteros (grilos, gafanhotos, esperanças), mas pode incluir frutos e aranhas na dieta (REIS *et al.*, 2007; ESBERÁRD *et al.*, 1997).

A espécie *Trachops cirrhosus*, que teve um exemplar infectado por *Trypanosoma* sp. Neobat 1, consiste em uma espécie carnívora, considerada por alguns autores como animalívoro devido à ingestão tanto de vertebrados quanto invertebrados, que corresponde a aproximadamente 33% de sua dieta (LEAL *et al.*, 2018). Suárez e Medélin, (2021), recentemente categorizaram *T. cirrhosus* como “carnívoro predominantemente coletor”. Esta guilda alimentar também favorece uma possível via de infecção oral através da ingestão de invertebrados infectados por tripanossomos (AUSTEN; BARBOSA, 2021).

Um maior número de *C. perspicillata* infectados neste estudo, pode ser parcialmente explicado pelo tamanho da amostra, uma vez que esta espécie representa mais de 85% do total

de morcegos avaliados devido à alta abundância no Brasil, principalmente em florestas secundárias ou perturbadas (MELLADO *et al.*, 2018; RANGEL *et al.*, 2019). Todavia, seu comportamento generalista em relação à dieta e aos *habitats* propicia maior exposição a diversas espécies potenciais de vetores (DARIO *et al.*, 2017).

O período lunar com maior abundância de morcegos capturados nesta pesquisa, ocorreu durante a lua crescente (estação chuvosa), contrariando alguns estudos que mostram que as coletas mais próximas da lua nova são as mais bem-sucedidas para captura de quirópteros (ESBÉRARD, 2007). Para filostomídeos, sobretudo aqueles frugívoros, o período de lua nova seria o mais prolífero, uma vez que este grupo é um dos que mais manifestam a fobia lunar. Em seu estudo, Esbérard (2007) verificou que mais de 70% das capturas de *A. jamaicensis*, *S. liliium*, *A. lituratus* e *C. perspicillata* se concentraram na lua nova. *Carollia perspicillata* foi a espécie mais abundante do presente trabalho (107/153) e teve maiores taxas de captura no período lunar crescente (44/107), seguido de lua minguante (33/107) e, por último, da lua nova (30/107).

Quanto às espécies infectadas, pode-se observar maior número de indivíduos capturados durante a lua minguante (13/ 28), representados por *C. perspicillata* e *P. discolor*; seguido do período de lua nova (10/ 28) com capturas de *A. fimbriatus*, *C. perspicillata* e *T. cirrhosus* (04/28). Na lua crescente foram verificadas apenas 05/28 capturas de *C. perspicillata*.

A estação de maior captura de morcegos infectados foi a chuvosa, período em que, segundo Mendes e Lima (2011), ocorre maior dispersão das populações de triatomíneos na formação de novas colônias e predomínio do acasalamento em ambientes tropicais, onde o clima se apresenta como fator abiótico responsável pelo sincronismo desses comportamentos. Ademais, de modo geral, é observado um aumento das populações de insetos, o que eventualmente eleva a ocorrência de vetores potenciais, que pode favorecer a infecção de morcegos por tripanossomos (AUSTEN e BARBOSA, 2021). No período chuvoso também há maior disponibilidade de alimento, com maior concentração dos eventos de brotação, floração e frutificação como de *Piper* sp., predileção alimentar de *Carollia perspicillata* e outras espécies frugívoras (MIKICH *et al.*, 2003).

Os morcegos avaliados não demonstraram sinais clínicos aparentes que pudessem ser associados com a infecção por *Trypanosoma* spp. e a maior parte dos indivíduos infectados apresentaram boa condição corporal e comportamento ativo. De toda forma, a abordagem clínica de quirópteros neotropicais se caracteriza como conduta ainda pouco praticada e explorada, com muitos desafios e classificações a serem propostas e estudadas a partir das particularidades biológicas conhecidas desse táxon estigmatizado a serem ainda desvendadas.

Ainda não se sabe o quanto a relação entre tripanossomos e morcegos afeta de fato estes hospedeiros, uma vez que no processo de amostragem, o próprio método de captura consiste em um viés, no qual, em teoria, animais saudáveis manifestam comportamento de forrageamento e predação habituais (ALVES *et al.*, 2021; RANGEL *et al.*, 2019). Porém, sabe-se que os parasitos são capazes de afetar a aptidão de seus hospedeiros, repercutindo não só em nível individual como também no populacional e do ecossistema (FRAINER *et al.*, 2018). Esses micro-organismos estão diretamente ligados à resposta imune e à evolução de seus hospedeiros (MORAND, 2015). Além disso, parasitos são também componentes da biodiversidade, capazes de modificar a estrutura da comunidade, de redes tróficas e do fluxo de energia (GÓMEZ e NICHOLS, 2013; HATCHER; DICK e DUNN, 2012; DOUGHERTY *et al.*, 2016).

Constituindo um grupo amplamente disperso, os tripanossomos podem ser considerados componentes centrais de processos ecossistêmicos, por infectar todos os grupos de vertebrados, especialmente ao se tratar daqueles que causam infecção em morcegos, uma vez que estes mamíferos estão amplamente distribuídos pelo globo, como importantes prestadores de serviços ecossistêmicos. Entretanto, o papel ecológico de uma grande diversidade de tripanossomos de morcegos ainda não é bem compreendido (RODRIGUES *et al.*, 2019; ALVES *et al.*, 2021).

As propriedades biológicas e ecológicas de tripanossomos de morcegos são complexas e os avanços nos estudos remontam a um grande quebra-cabeças, a exemplo das MOTUs recentemente descobertas (HAMILTON *et al.*, 2007; LIMA *et al.*, 2015, RODRIGUES *et al.*, 2019). Lacunas de conhecimento a respeito de seus vetores, ciclos de transmissão, e da interação com seus hospedeiros e estratégias de vida, limitam por ora, o entendimento das funções ecológicas desempenhadas entre morcegos e *Trypanosoma* spp. Neobats e, portanto, os efeitos desses organismos nos micros e macroecossistema (LIMA *et al.*, 2015; RODRIGUES *et al.*, 2019).

Uma pergunta interessante reside em como seriam os efeitos desses parasitos nas populações de morcegos hospedeiros e seus possíveis impactos no curso da infecção. Por outro lado, a alta diversidade de morcegos hospedeiros pode representar uma resposta positiva na diluição de eventuais efeitos deletérios de potencial patogênico dos tripanossomos, diluindo possíveis doenças na comunidade (HATCHER; DICK e DUNN, 2012). Esses efeitos de diluição da biodiversidade podem ser causados por múltiplos e distintos processos, que incluem modo de transmissão, densidade e diversidade de hospedeiros nas comunidades, e até formas de transmissão ineficazes como a escolha mal-sucedida de um vetor a hospedeiros não competentes (HATCHER; DICK, 2012) Alguns exemplos como a doença de Lyme e a hantavirose demonstram evidências de que a biodiversidade reduzida está associada ao aumento

do risco de enfermidades (KEESING *et al.* 2010). No entanto, o efeito de diluição não está diretamente relacionado à biodiversidade e não se aplica a todas as situações, uma vez que parece ser dependente do aumento da abundância relativa de hospedeiros não competentes (HATCHER; DICK, 2012).

Algumas das características da história de vida de morcegos, os coloca como hospedeiros competentes, importantes para a manutenção de tripanossomas específicos e generalistas nos ecossistemas (KEESING *et al.* 2010). Sendo assim, mais estudos direcionados ao entendimento da dinâmica entre esses parasitas e os morcegos, e como esses animais podem ser afetados enquanto hospedeiros, representam estratégias adjuvantes para conservação do táxon e na vigilância epidemiológica de *Trypanosoma spp.*, sobretudo em *hotspots* como a Mata Atlântica no sul da Bahia.

## 6.5 CONCLUSÃO

A taxa de infecção para a quiróptero-fauna analisada foi significativamente alta, de 20,74% e demonstrou que o *Trypanosoma spp* está presente nas populações de morcegos da Cabruca UESC, reforçando a importância do táxon na manutenção de tripanossomas na natureza. Das espécies analisadas, *Carollia perspicillata* foi a mais abundante (70%) e a que obteve a maior taxa de infecção (78,57%). Este trabalho corresponde ao primeiro estudo de prevalência de tripanossomas em morcegos da Bahia, ampliando a área de distribuição de *Trypanosoma sp* Neobat 1 e 4, e *T. dionisii* para o nordeste do Brasil. Além disso, corrobora com trabalhos anteriores para a importância de *Carollia perspicillata* como hospedeiro aparentemente bem-sucedido de *Trypanosoma sp.* Neobat 4 e fortalece os resultados sobre infecção por *Trypanosoma* Neobat 1 em *Trachops cirrhosus*. O achado de *T.dionisii* alerta para possíveis infecções em humanos, substanciando ainda mais, o monitoramento epidemiológico da população de quirópteros estudada. Adicionalmente, esta pesquisa sugeriu a implementação inédita de uma abordagem clínica direcionada aos morcegos neotropicais como ferramenta adjuvante na promoção da saúde e conservação do táxon, convidando para uma mudança no olhar desses animais.

## REFERÊNCIAS

- ACOSTA, I. D. C.; DA COSTA, A. P.; GENNARI, S. M.; MARCILI, A. Survey of *Trypanosoma* and *Leishmania* in wild and domestic animals in an Atlantic rainforest fragment surroundings in the state of Espírito Santo, Brazil. **Journal of Medical Entomology**, v. 51, n. 3, p. 686-693, 2014. DOI: 10.1603/me13177.
- AGUIAR, L. M. S.; BUENO-ROCHA, I. D.; OLIVEIRA, G.; PIRES, E. S.; VASCONCELOS, S.; NUNES, G. L.; FRIZZAS, M. R.; TOGNI, P. H. B. Going out for dinner—The consumption of agriculture pests by bats in urban areas. **PLoS ONE**, v. 16, n. 10, e0258066, 2021. DOI: 10.1371/journal.pone.0258066
- AGUIRRE, A. A.; OSTFELD, R. S.; TABOR, G. M.; HOUSE, C.; PEARL, M. C. (Eds.). Conservation medicine: ecological health in practice. Oxford University Press, 2002.
- ALTHOFF, S. L.; TRIBESS, B.; REINERT, M. J.; FERREIRA, M. A. R.; CARVALHO, F. Expansion of the southern limit of *Vampyroides caraccioli* Thomas, 1889 (Chiroptera, Phyllostomidae) and first record for Santa Catarina state, southern Brazil. **Check List**, v.13, n. 6, p. 871-877, 2017. DOI: <https://doi.org/10.15560/13.6.871>
- ALVES, F. M.; RANGEL, D. A.; VILAR, E. M.; PAVAN, M. G.; MORATELLI, R.; ROQUE, A. L. R.; JANSEN, A. M. *Trypanosoma* spp. Neobats: Insights about those poorly known trypanosomatids. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 16, p. 145-152, 2021. DOI: doi: 10.1016/j.ijppaw.2021.09.003
- ANDRIOLO, A. Desafios para a Conservação da Fauna. Cubas ZS, Silva JCR, Catão-Dias JL. **Tratado de animais selvagens**. Medicina veterinária. São Paulo: Roca, 2007.
- ARAÚJO JR, J. P.; NOGUEIRA, M. F.; DUARTE, J. M. Survey for foot-and-mouth disease in the endangered marsh deer (*Blastocercus dichotomus*) from marshlands of the Parana River Basin, Brazil. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 46, n. 3, p. 939-943, 2010. DOI: 10.7589/0090-3558-46.3.939
- AUSTEN, J. M.; BARBOSA, A. D. Diversity and epidemiology of bat trypanosomes: a One Health perspective. **Pathogens**, v. 10, n. 9, p. 1148, 2021. DOI: 10.3390/pathogens10091148
- BANERJEE, A.; BAKER, M. L.; KULCSAR, K.; MISRA, V.; PLOWRIGHT, R.; MOSSMAN, K. Novel insights into immune systems of bats. **Frontiers in Immunology**, v. 11, p.1–15, 2020. DOI: 10.3389/fimmu.2020.00026
- BASCOMPTE, J. Disentangling the web of life. **Science**, v. 325, n. 5939, p. 416-419, 2009. DOI: 10.1126/science.1170749.
- BERNARD, E. Diet, activity and reproduction of bat species (Mammalia, Chiroptera) in Central Amazonia, Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 19, p. 173-188, 2002.
- BORGATTI, S. P.; MEHRA, A.; BRASS, D. J.; LABIANCA, G. Network analysis in the social sciences. **Science**, v. 323, n. 5916, p. 892–895, 2009. DOI: 10.1126/science.1165821
- BOUBLI, J. P.; BYRNE, H.; DA SILVA, M. N. F.; SILVA-JÚNIOR, J.; COSTA ARAÚJO,

- R.; BERTUOL, F.; GONÇALVES, J.; DE MELO, F. R.; RYLANDS, A. B.; MITTERMEIER, R. A.; SILVA, F. E.; NASH, S. D.; CANALE, G.; ALENCAR, R. M.; ROSSI, R. V.; CARNEIRO, J.; SAMPAIO, I.; FARIAS, I. P.; SCHNEIDER, H.; HRBEK, T. On a new species of titi monkey (Primates: *Plecturocebus* Byrne *et al.*, 2016), from Alta Floresta, southern Amazon, Brazil. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 132, p. 117–137, 2019. DOI: 10.1016/j.ympev.2018.11.012
- BOWER, J.M. AND BOLOURI, H. **Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks**, MIT Press, 2001.
- BRAUN, J. K., LAYMAN, Q. D., & MARES, M. A. *Myotis albescens* (Chiroptera: Vespertilionidae). **Mammalian Species**, v. 846, p. 1-9, 2009.
- BUTTKE, D. E; DECKER, D. J.; WILD, M. A. The role of one health in wildlife conservation: a challenge and opportunity. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 51, n. 1, p. 1-8, 2015. DOI: 10.7589/2014-01-004
- BUTTS, C.T. Revisiting the foundations of network analysis. **Science**, v. 325, p. 414–416, 2009.
- CARRILLO-ARAUJO, M.; TAŞ, N.; ALCANTARA-HERNANDEZ, R. J.; GAONA, O.; SCHONDUBE, J. E.; MEDELLIN, R. A.; JANSSON J. K.; FALCÓN, L. I. Phyllostomid bat microbiome composition is associated to host phylogeny and feeding strategies. **Frontiers in Microbiology**, v. 6, p. 447, 2015. DOI: 10.3389/fmicb.2015.00447
- CASAGRANDE, R. A.; DA SILVA, T. C.; PESCADOR, C. A.; BORELLI, V.; SOUZA JR, J. C.; SOUZA, E. R.; TRAVERSO, S. D. Toxoplasmose em primatas neotropicais: estudo retrospectivo de sete casos. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 33, n. 1, p. 94-98, 2013.
- CIFUENTES-RINCÓN, A.; MORALES-DONOSO, J. A.; SANDOVAL, E. D. P.; TOMAZELLA, I. M.; MANTELLATTO, A. M. B.; DE THOISY, B.; DUARTE, J. M. B.; Designation of a neotype for mazama americana (*Artiodactyla*, cervidae) reveals a cryptic new complex of brocket deer species. **Zookeys**, v. 958, p. 143–164, 2020. DOI: 10.3897/zookeys.958.50300.
- COSTA-SILVA, S.; SACRISTÁN, C.; GONZALES-VIERA, O.; DÍAZ-DELGADO, J.; SÁNCHEZ-SARMIENTO, A. M.; MARIGO, J.; GROCH, K. R.; CARVALHO, V. L.; EWBank, A. C.; COLOSIO, A. C.; MARCONDES, M. C. C.; MEIRELLES, A. C. O.; BERTOZZI, C. P.; LAILSON-BRITO, J.; AZEVEDO, A. F.; RUOPPOLO, V.; OLIVEIRA, L.; OTT, P. H.; CATÃO-DIAS, J. L. *Toxoplasma gondii* in cetaceans of Brazil: a histopathological and immunohistochemical survey. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 28, n. 3, p. 395-402, 2019. DOI: 10.1590/S1984-29612019051
- CUNHA, M. S.; DA COSTA, A. C.; DE AZEVEDO FERNANDES, N. C. C.; GUERRA, J. M.; DOS SANTOS, F. C. P.; NOGUEIRA, J.S.; D'AGOSTINO, L. G.; KOMNINAKIS, S. V.; WITKIN, S. S.; RESSIO, R. A.; MAEDA, A. Y.; VASAMI, F. G. S.; KAIGAWA, U. M. A.; AZEVEDO, L. S.; FACIOLI, P. A. S.; MACEDO, F. L. L.; SABINO, E. C.; LEAL, E.; SOUZA, R. P. Epizootics due to Yellow Fever Virus in São Paulo State, Brazil: viral dissemination to new areas (2016-2017). **Scientific Reports**, n. 9, v. 1, p. 5474, 2019. DOI: 10.1038/s41598-019-41950-3

- DALLAS, T. A.; HAN, B. A.; NUNN, C. L.; PARK, A. W.; STEPHENS, P. R.; DRAKE, J. M. Host traits associated with species roles in parasite sharing networks. **Oikos**, v. 128, n. 1, p. 23-32, 2019.
- DARIO, M. A.; LISBOA, C. V.; COSTA, L. M.; MORATELLI, R.; NASCIMENTO, M. P.; COSTA, L. P.; LEITE, Y. L. R.; LLEWELLYN, M. S.; XAVIER, S.C.C.; ROQUE, A. L. R.; JANSEN, A. M. High *Trypanosoma* spp. diversity is maintained by bats and triatomines in Espírito Santo state, Brazil. **Plos One**, v. 12, n. 11, e0188412, 2017. DOI: 10.1371/journal.pone.0188412.
- DE AZEVEDO FERNANDES, N. C., GUERRA, J. M., DÍAZ-DELGADO, J., CUNHA, M. S., IGLEZIAS, S. D., RESSIO, R. A., CIRQUEIRA, C. S.; KANAMURA, C. T.; JESUS, I. P.; MAEDA, A. Y.; VASAMI, F. G. S.; CARVALHO, J.; ARAÚJO, L. J. T.; SOUZA, R. P.; NOGUEIRA, J. S.; SPINOLA, R. M. F.; CATÃO-DIAS, J. L. Differential yellow fever susceptibility in New World nonhuman primates, comparison with humans, and implications for surveillance. **Emerging infectious diseases**, v. 27, n. 1, p. 47-56. DOI: 10.3201/eid2701.191220.
- DE GUISE, S.; MARTINEAU, D.; BÉLAND, P.; FOURNIER, M. Possible mechanisms of action of environmental contaminants on St. Lawrence beluga whales (*Delphinapterus leucas*). **Environmental Health Perspectives**, v. 103(suppl 4), p. 73-77, 1995. DOI: 10.1289/ehp.95103s473.
- DIERAUF, L. A.; GULLAND, F. M. D. **CRC Handbook of Marine Mammal Medicine**. 2 ed. Imprensa CRC, 2001.
- DOUGHERTY, E. R.; CARLSON, C. J.; BUENO, V. M.; BURGIO, K. R.; CIZAUSKAS, C. A.; CLEMENTS, C. F.; SEIDEL, D. P.; HARRIS, N. C. Paradigms for parasite conservation. **Conservation Biology**, v. 30, n. 4, p. 724–733, 2016. DOI: 10.1111/cobi.12634
- DUNNE, J. A.; LAFFERTY, K. D.; DOBSON, A. P.; HECHINGER, R. F.; KURIS, A. M.; MARTINEZ, N. D.; MCLAUGHLIN, J. P.; MOURITSEN, K. N.; POULIN, R.; REISE, K.; STOUFFER, D. B.; THIELTGES, D. W.; WILLIAMS, R. J.; ZANDER, C. D. Parasites affect food web structure primarily through increased diversity and complexity. **PLoS biology**, v. 11, n. 6, e1001579, 2013. DOI: 10.1371/journal.pbio.1001579
- EUBANK, E.; GUCLU, H.; KUMAR, V. S. A.; MARATHE, M. V.; SRINIVASAN, A.; TOROCZKAI, Z.; WANG, N. Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks. **Nature**, v. 429, n. 6988, p. 180–184, 2004. DOI: 10.1038/nature02541
- ESBÉRARD, C. E. L.; MARTINS, L. F. S.; CRUZ, R. C.; COSTA, R. C.; NUNES, M. S.; LUZ, E. M.; CHAGAS, A. S. Aspectos da biologia de *Lonchorhina aurita* no Estado do Rio de Janeiro (Mammalia: Chiroptera: Phyllostomidae). **Bioikos**, v.10, n. 1-2. Campinas: 1997, p.46-49, 1998.
- ESBÉRARD, C. E. Influência do ciclo lunar na captura de morcegos Phyllostomidae. **Iheringia. Série Zoologia**, v. 97, p. 81-85, 2007.
- FARIA, D.; SOARES-SANTOS, B.; SAMPAIO, E. Bats from the Atlantic rainforest of

southern Bahia, Brazil. **Biota Neotropica**, v. 6, n. 2, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/s1676-06032006000200022>

FEHERVARI, Z. Bat adaptive immunity. **Nature Immunology**, v. 20, n. 11, p. 1414, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41590-019-0533-8>

FERREIRA, R. A.; MINEO, J. R.; DUARTE, J. M.; SILVA, D. A. O.; PATARROYO, J. H. Toxoplasmosis in naturally infected deer from Brazil. **Journal of wildlife Diseases**, v. 33, n. 4, p. 896-899, 1997. DOI: 10.7589/0090-3558-33.4.896

FORATTINI, O. P. Os cimicídeos e sua importância em saúde pública (Hemiptera-Heteroptera; Cimicidae). **Revista de Saúde Pública**, v. 24, p. 1-37, 1990. DOI: 10.1590/s0034-89101990000700001

FRAINER, A.; MCKIE, B. G.; AMUNDSEN, P. A.; KNUDSEN, R.; LAFFERTY, K. D. Parasitism and the biodiversity-functioning relationship. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 33, n. 4, p. 260 – 268, 2018. DOI: 10.1016/j.tree.2018.01.011

GARDNER, A.L. **Mammals of South America: marsupials, xenarthrans, shrews, and bats**. University of Chicago Press, Chicago, 2008.

GÓMEZ, A.; NICHOLS, E. Neglected wildlife: parasitic biodiversity as a conservation target. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 2, p. 222-227, 2013. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2013.07.002

GUAL-SUÁREZ, F.; MEDELLÍN, R. A. We eat meat: a review of carnivory in bats. **Mammal Review**, v. 51, n. 4, p. 540-558, 2021

GUEDES, P. G.; DA SILVA, S. S. P.; SANTOS, K. S.; CARNEIRO, A. M. S.; LOPES, L. S.; DE CARVALHO, J. F. Padrão reprodutivo, dieta e parasitologia de *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818) (Mammalia, Chiroptera) em parques urbanos do município do Rio de Janeiro (Rio de Janeiro, Brasil). **Biotemas**, v. 33, n. 2, p. 1–16, 2020.

HAMILTON, P. B.; GIBSON, W. C.; STEVENS, J. R. Patterns of coevolution between trypanosomes and their hosts deduced from ribosomal 89 RNA and protein-coding gene phylogenies. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. v. 44, p.15-25, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2007.03.023>

HAMILTON, P. B.; TEIXEIRA, M. M.; STEVENS, J. R. The evolution of *Trypanosoma cruzi*: the ‘bat seeding’ hypothesis. **Trends in Parasitology**, v. 28, n. 4, p. 136-141, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pt.2012.01.006>

HATCHER, M. J.; DICK, J. T.; DUNN, A. M. Diverse effects of parasites in ecosystems: linking interdependent processes. **Frontiers in Ecology and the Environment**, v. 10, n. 4, p. 186-194, 2012.

HAELEWATERS, D.; HILLER, T.; DICK, C. W. Bats, bat flies, and fungi: A case of hyperparasitism. **Trends in Parasitology**, v. 34, n. 9, p. 784-799, 2018. DOI: 10.1016/j.pt.2018.06.006

HOFFMANN, F.G.; BAKER, R.J. Comparative phylogeography of short-tailed bats (*Carollia*: phyllostomidae). **Molecular Ecology**, v. 12, n. 12, p. 3403 – 3414, 2003. DOI: 10.1046/j.1365-294x.2003.02009.x

HUTCHEON, J. M.; KIRSCH, J. A. A moveable face: deconstructing the Microchiroptera and a new classification of extant bats. **Acta Chiropterologica**, v. 8, n. 1, p. 1-10, 2006.

HUDSON, P. J.; DOBSON, A. P.; LAFFERTY, K. D. Is a healthy ecosystem one that is rich in parasites? **Trends in ecology & evolution**, v. 21, n. 7, p. 381 – 385, 2006. DOI: 10.1016/j.tree.2006.04.007

INSTITUTO BRASILEIRO DE FLORESTAS (IBF). **Bioma Mata Atlântica**. 2021. Disponível em: <https://www.ibflorestas.org.br/bioma-mata-atlantica#:~:text=Este%20bioma%20ocupava%20uma%20%C3%A1rea,ao%20Rio%20Grande%20do%20Sul>. Acesso em 30 dez. 2022.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO) 2011a. **Plano de ação nacional para a conservação dos mamíferos aquáticos -pequenos cetáceos**. Brasília, p. 134, 2011a.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO). **Plano de ação nacional para a conservação dos mamíferos aquáticos -grandes cetáceos e pinípedes**. Brasília, p. 156, 2011b.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO). **Livro Vermelho da Fauna Brasileira Ameaçada de Extinção. Vol. II- Mamíferos**. 2018. Disponível em: [https://www.gov.br/icmbio/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-diversas/livro\\_vermelho\\_2018\\_vol2.pdf](https://www.gov.br/icmbio/pt-br/centrais-de-conteudo/publicacoes/publicacoes-diversas/livro_vermelho_2018_vol2.pdf). Acesso em 30 dez. 2022.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO). **Sumário Executivo do Plano de ação nacional para a conservação dos mamíferos aquáticos amazônicos**. Brasília, p. 8, 2019.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO). **BRASIL, Ministério do Meio Ambiente. Portaria MMA nº 148, de 7 de junho de 2022. DOU 108, de 08 de junho de 2022, Seção 1, 2022.**

IJSSELDIJK, L. L.; VAN NEER, A.; DEAVILLE, R.; BEGEMAN, L.; VAN DE BILDT, M.; VAN DEN BRAND, J. M.; BROWNLOW, A.; CZECK, R.; DABIN, W.; DOESCHATE, M. T.; HERDER, V.; HERR, H.; IJZER, J.; JAUNIAUX, T.; JENSEN, L. F.; JEPSON, P. D.; JO, W. K.; LAKEMEYER, J.; LEHNERT, K.; LEOPOLD, M. F.; OSTERHAUS, A.; PERKINS, M. W.; PIATKOWSKI, U.; PRENGER-BERNINGHOFF, E.; PUND, R.; WOHLSEIN, P.; GRÖNE, A.; SIEBERT, U. Beached bachelors: An extensive study on the largest recorded sperm whale *Physeter macrocephalus* mortality event in the North Sea. **PLoS One**, v. 13, n. 8, e0201221, 2018. DOI: 10.1371/journal.pone.0201221.

JANSEN, A. M.; XAVIER, S. C. C.; ROQUE, A. L. R. Ecological aspects of *Trypanosoma cruzi*: wild hosts and reservoirs. In: TELLERIA, J.; TIBAYRENC, M. **American Trypanosomiasis Chagas Disease**. 2 ed. Elsevier, 2017.

- JORGE, R. S. P.; ROCHA, F. L.; MAY JÚNIOR, J. A.; MORATO, R. G. Ocorrência de patógenos em carnívoros selvagens brasileiros e suas implicações para a conservação e saúde pública. 2010. Disponível em: <https://www.arca.fiocruz.br/handle/icict/20820>. Acesso em 30 dez. 2022.
- KEESING, F.; BELDEN, L. K.; DASZAK, P.; DOBSON, A.; HARVELL, C. D.; HOLT, R. D.; HUDSON, P.; JOLLES, A.; JONES, K. E.; MITCHELL, C. E.; MYERS, S. S.; BOGICH, T.; OSTFELD, R. S. Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases. *Nature*, v. 468, n. 7324, p. 647-652, 2010. DOI: 10.1038/nature09575
- KISS, C.; BICHLER, M. Identification of influencers—measuring influence in customer networks. *Decision Support Systems*, v. 46, n. 1, p. 233-253, 2008.
- KUNZ, T. H.; TORREZ, E. B.; BAUER, D.; LOBOVA, T.; FLEMING, T. H. Ecosystem services provided by bats. *Annals of the New York academy of sciences*, v. 1223, n. 1, p. 1-38, 2011. DOI: 10.1111/j.1749-6632.2011.06004.x
- LAURINDO, R. S.; NOVAES, R. L. M. **Desmitificando os morcegos**. Monte Belo: ISMECN, 2015.
- LEAL, E. S. B.; SILVA CHAVES, L.; PRADO NETO, J. G.; PASSOS FILHO, P. B.; RAMALHO, D. F.; GUERRA FILHO, D. Q. G.; MOURA, G. J. B. What constitutes the menu of *Trachops cirrhosus* (Chiroptera)? A review of the species' diet. *Neotropical Biology and Conservation*, v. 13, n. 4, p. 337-346, 2018.
- LIMA, L.; ESPINOSA-ÁLVAREZ, O.; HAMILTON, P. B.; NEVES, L.; TAKATA, C. S.; CAMPANER, M.; ATTIAS, M.; SOUZA, W.; CAMARGO, E. P.; TEIXEIRA, M. M. *Trypanosoma livingstonei*: a new species from African bats supports the bat seeding hypothesis for the *Trypanosoma cruzi* clade. *Parasites & vectors*, v. 6, n. 1, p. 1-17, 2013. DOI: 10.1186/1756-3305-6-221
- LIMA, L.; ESPINOSA-ÁLVAREZ, O.; PINTO, C. M.; CAVAZZANA JR, M.; PAVAN, A. C.; CARRANZA, J. C.; LIM, B. K.; CAMPANER, M.; TAKATA, C. S. A.; CAMARGO, E. P.; HAMILTON, P.B.; TEIXEIRA, M. M. New insights into the evolution of the *Trypanosoma cruzi* clade provided by a new trypanosome species tightly linked to Neotropical Pteronotus bats and related to an Australian lineage of trypanosomes. *Parasites & vectors*, v. 8, n. 1, p. 1-18, 2015. DOI: 10.1186/s13071-015-1255-x
- LOBÃO, D. É.; SETENTA, W. C.; DOS SANTOS, E. S.; CURVELO, K. Sistema cacau cabruca e a Mata Atlântica: diversidade arbórea, conservação e potencial de produção. *Agrotropica (Brasil)*, v. 23, n. 2, p. 3, 2011.
- LUNARDI, M.; DAROLD, G. M.; AMUDE, A. M.; HEADLEY, S. A.; SONNE, L.; YAMAUCHI, K. C. I.; BOABAID, F. M.; ALFIERI, A. F.; ALFIERI, A. A. Canine distemper virus active infection in order Pilosa, family Myrmecophagidae, species *Tamandua tetradactyla*. *Veterinary microbiology*, v. 220, p. 7-11, 2018. DOI: 10.1016/j.vetmic.2018.04.030
- MACHRY, L., RIBEIRO, R. L., VITAL-BRAZIL, J. M., BALASSIANO, I. T., OLIVEIRA, I. C. M. D., AVELAR, K. E. S., & PEREIRA, M. M. Caracterização de cepas de referência de

*Leptospira* sp utilizando a técnica de pulsed field gel electrophoresis. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 43, n. 2, p. 166-169, 2010. DOI: 10.1590/s0037-86822010000200012

MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE (MMA). Lista das Espécies da Fauna Brasileira Ameaçados de Extinção. 2022. Disponível em: [https://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/legislacao/Portaria/2020/P\\_mma\\_148\\_2022\\_altera\\_anexos\\_P\\_mma\\_443\\_444\\_445\\_2014\\_atualiza\\_especies\\_ameacadas\\_extincao.pdf](https://www.icmbio.gov.br/cepsul/images/stories/legislacao/Portaria/2020/P_mma_148_2022_altera_anexos_P_mma_443_444_445_2014_atualiza_especies_ameacadas_extincao.pdf). Acesso em 30 dez. 2022.

MELLADO, B. R.; CARNEIRO, L. O.; NOGUEIRA, M. R.; MONTEIRO, L. R. Diversity and seasonality of a Phyllostomid assemblage from the Atlantic Forest of southeastern Brazil. **Mastozoologia Neotropical**, v. 25, p. 363–377, 2018.

MIKICH, S. B.; BIANCONI, G. V.; MAIA, B. H. L. N. S.; TEIXEIRA, S. D. Attraction of the fruit-eating bat *Carollia perspicillata* to Piper gaudichaudianum essential oil. **Journal of Chemical Ecology**, v. 29, n. 10, p. 2379-2383, 2003. DOI: 10.1023/a:1026290022642

MOLYNEUX, D. H. **Parasitic Protozoa**. 2 ed. London: Academic Press; 1991

MORAND, S. Emerging diseases, livestock expansion and biodiversity loss are positively related at global scale. *Biol. Conserv*, v. 248, 2020. DOI: 10.1016/j.biocon.2020.108707

MORATELLI, R.; CALISHER, C. H. Bats and zoonotic viruses: can we confidently link bats with emerging deadly viruses? **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 110, n. 1, p. 1-22, 2015. DOI: 10.1590/0074-02760150048

MORATELLI, R.; CRUZ-NETO, A. P.; FILARDY, A. Os morcegos e os vírus mortais. 2020. Disponível em: <https://www2.unesp.br/portal#!/noticia/35662/os-morcegos-e-os-virus-mortais/>. Acesso em 20 fev. 2023

NAVAS-SUAREZ, P. E.; DIAZ-DELGADO, J.; MATUSHIMA, E. R.; FAVERO, C. M.; SARMIENTO, A. M. S.; SACRISTÁN, C.; EWBANK, A. C.; JOPPERT, A. M.; DUARTE, J. M. B.; SANTOS-CIRQUEIRA, C.; COGLIATI, B.; MESQUITA, L.; MAIORKA, P. C.; CATÃO-DIAS, J. L. A retrospective pathology study of two Neotropical deer species (1995-2015), Brazil: Marsh deer (*Blastocerus dichotomus*) and brown brocket deer (*Mazama gouazoubira*). **PLoS One**, v. 13, n. 6, e0198670, 2018. DOI: 10.1371/journal.pone.0198670

NEWMAN, M.; BARABÁSI, A. L.; WATTS, D. J. (Eds.). **The Structure and dynamics of networks**. Princeton University Press, 2006.

NOVAES, R. L. M.; SOUZA, R. F.; LAURINDO, R. S. **Secretaria Regional da Mata Atlântica. Sociedade Brasileira para o Estudo de Quirópteros – SBEQ**, 2022. Disponível em: <https://www.sbeq.net/mata-atlantica>. Acesso em: 10 jan. 2023.

NOVAES, R. L. M.; WILSON, D. E.; MORATELLI, R. Catalogue of primary types of Neotropical Myotis (Chiroptera, Vespertilionidae). **ZooKeys**, v. 1105, p. 127-164, 2022.

OLIVEIRA, M. P. C.; CORTEZ, M.; MAEDA, F. Y.; FERNANDES, M. C.; HAAPALAINEN, E. F.; YOSHIDA, N.; RENATO ARRUDA MORTARA, R. A. Unique

behavior of *Trypanosoma dionisii* interacting with mammalian cells: invasion, intracellular growth, and nuclear localization. **Acta tropica**, v. 110, n. 1, p. 65–74, 2009. DOI: 10.1016/j.actatropica.2009.01.008

OLIVEIRA, M. P. C.; RAMOS, T. C. P.; PINHEIRO, A. M. V.; BERTINI, S.; TAKAHASHI, H. K.; STRAUS, A. H.; HAAPALAINEN, E. F. Tridimensional ultrastructure and glycolipid pattern studies of *Trypanosoma dionisii*. **Acta tropica**, v. 128, n. 3, p. 548-556, 2013. DOI: 10.1016/j.actatropica.2013.08.001

PAGLIA, A. P., FONSECA, G. A. B.; RYLANDS, A. B.; HERRMANN, G.; AGUIAR, L. M. S.; CHIARELLO, A. G.; LEITE, Y. L. R.; COSTA, L. P.; SICILIANO, S.; KIERULFF M. C.; MENDES, S. L.; TAVARES, V. C.; MITTERMEIER R. A.; PATTON, J. L. Lista Anotada dos Mamíferos do Brasil. **Occasional papers in conservation biology**. n. 6, p. 83, 2012.

PARDINI, R. Effects of forest fragmentation on small mammals in an Atlantic Forest landscape. **Biodiversity & Conservation**, v. 13, n. 13, p. 2567-2586, 2004.

PARK, J.; CHOI, J.; CHOI, J.-Y. Network Analysis in Systems Biology. **Journal of Preventive Medicine & Public Health**, v. 54, p. 259–264, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-100596-5.22917-X>

PEDERSEN, A. B.; JONES, K. E.; NUNN, C. L.; ALTIZER, S. Infectious diseases and extinction risk in wild mammals. **Conservation biology**, v. 21, n. 5, p. 1269-1279, 2007. DOI: 10.1111/j.1523-1739.2007.00776.x

RANGEL, D. A.; LISBOA, C. V.; NOVAES, R. L. M.; SILVA, B. A.; SOUZA, R. D. F.; JANSEN, A. M.; MORATELLI, R.; ROQUE, A. L. R. Isolation and characterization of trypanosomatids, including *Crithidia mellificae*, in bats from the Atlantic Forest of Rio de Janeiro, Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 13, n. 7, e0007527, 2019. DOI: 10.1371/journal.pntd.0007527

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. **Morcegos do Brasil**. UEL, Londrina, 2007.

REIS, N. R.; FREGONEZI, M. N.; PERACCHI, A. L.; SHIBATTA, O. A. **Morcegos do Brasil: guia de campo**. Technical Books, p. 252, 2013.

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; BATISTA, C. B.; LIMA, I. P. & PEREIRA, A. D. **História Natural dos Morcegos Brasileiros - Chave de Identificação de Espécies**. Technical Books, Rio de Janeiro, 2017.

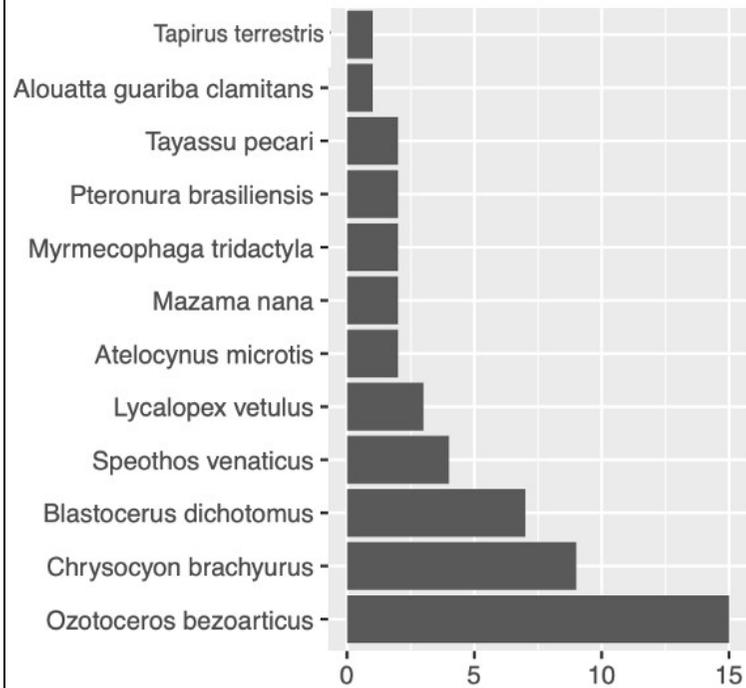
RODRIGUES, M. S.; LIMA, L.; XAVIER, S. C. C.; HERRERA, H. M.; ROCHA, F. L.; ROQUE, A. L. R.; TEIXEIRA, M. M. G.; JANSEN, A. M. Uncovering *Trypanosoma* spp. diversity of wild mammals by the use of DNA from blood clots. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 8, p. 171-181, 2019. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2019.02.004

- SHELDON, J. D., CUSHING, A. C., WILKES, R. P., ANIS, E., & DUBOVI, E. J. Serologic response to canine distemper vaccination in captive Linnaeus's two-toed sloths (*Choloepus didactylus*) after a fatal canine distemper virus outbreak. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 48, n. 4, p. 1250-1253, p. 2017. DOI: 10.1638/1042-7260-48.4.1250.
- SILK, M.J., HODGSON, D.J., ROZINS, C., CROFT, D.P., DELAHAY, R.J., BOOTS, M., MCDONALD, R.A. Integrating social behaviour, demography and disease dynamics in network models: Applications to disease management in declining wildlife populations. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences** v. 374, 2019. DOI: 10.1098/rstb.2018.0211
- SIMMONS, N. B. An Eocene big bang for bats. **Science**, v. 307, n. 5709, p. 527-528, 2005.
- TSAGKOGEOGA, G.; PARKER, J.; STUPKA, E.; COTTON, J. A.; ROSSITER, S. J. Phylogenomic analyses elucidate the evolutionary relationships of bats. **Current Biology**, v. 23, n. 22, p. 2262-2267, 2013. DOI: 10.1016/j.cub.2013.09.014
- VIEIRA, F. M.; LUQUE, J. L.; MUNIZ-PEREIRA, L. C. Checklist of helminth parasites in wild carnivore mammals from Brazil. **Zootaxa**, v. 1721, n. 1, p. 1-23, 2008.
- VIEIRA, A. S.; PINTO, P. S.; LILENBAUM, W. A systematic review of leptospirosis on wild animals in Latin America. **Tropical animal health and production**, v. 50, n. 2, p. 229-238, 2018. DOI: 10.1007/s11250-017-1429-y
- VITALIANO, S. N., SOARES, H. S., MINERVINO, A. H. H., SANTOS, A. L. Q., WERTHER, K., MARVULO, M. F. V., SIQUEIRA D. B.; PENNA, H. F. J.; SOARES, R. M.; SU, C.; GENNARI, S. M. Genetic characterization of *Toxoplasma gondii* from Brazilian wildlife revealed abundant new genotypes. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 3, n. 3, p. 276-283, 2014. DOI: 10.1016/j.ijppaw.2014.09.003
- WEATHER SPARK. **Probabilidade diária de precipitação no Aeroporto de Ilhéus/Bahia-Jorge Amado**. 2023. Acesso em 08 jan. 2023
- WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). **Chagas disease (American trypanosomiasis)**. Disponível em: < [https://www.who.int/chagas/home\\_more/en](https://www.who.int/chagas/home_more/en) > Acesso em: 10 mai. 2021.
- Wilson, D. E.; Reeder, D. M. **Order Carnivora**. Mammals Species of the World. A taxonomic and Geographic Reference. Smithsonian Institution Press, Washington, DC, 1993.
- YORK, H.A.; BILLINGS, S.A. Stable-isotope analysis of diets of short-tailed fruit bats (Chiroptera: Phyllostomidae: *Carollia*). **Journal of Mammalian**, v. 90, p. 1469–1477, 2009.

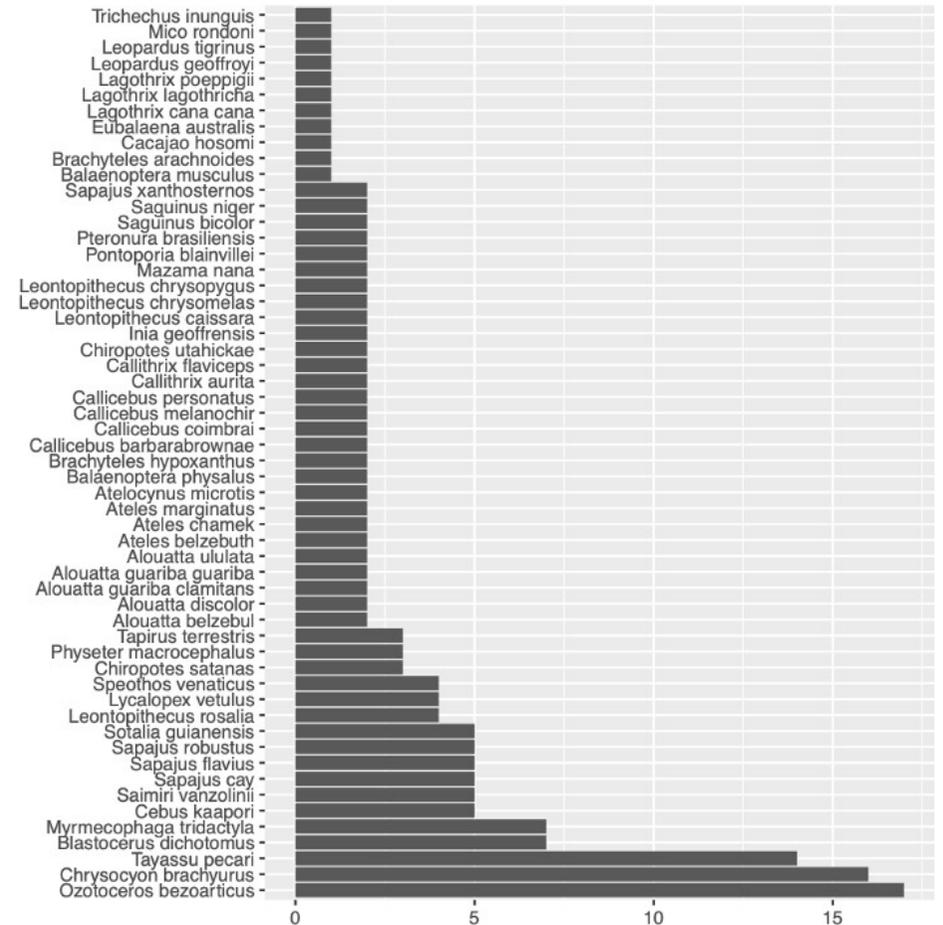
**Anexo A – Gráficos: Rede 1 (Dados oficiais) e Rede 2 (Dados oficiais + literatura indexada)**

**Rede 1**

42 nós (12 hospedeiros e 29 patógenos)

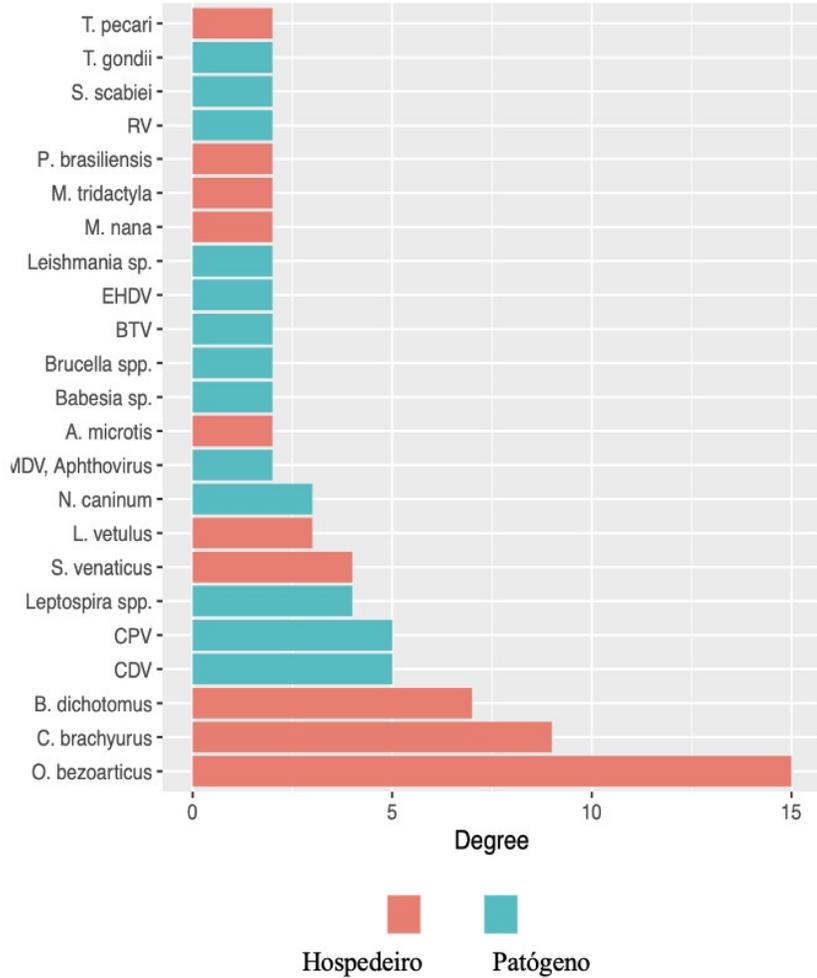
**Rede 2**

121 nós (56 hospedeiros e 65 patógenos)

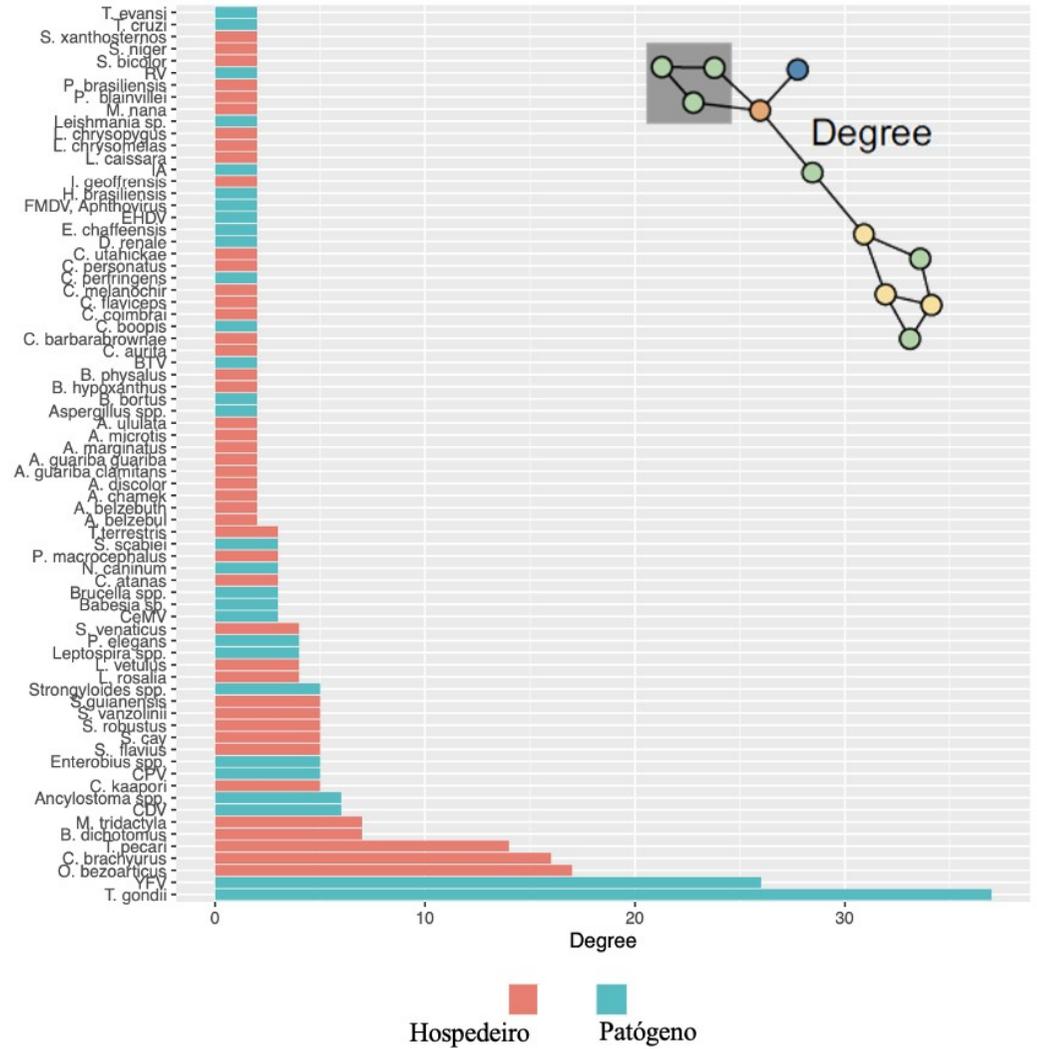


**Anexo B - Medida de Centralidade Degree: rede 1 (Dados oficiais) e rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)**

**Rede 1**

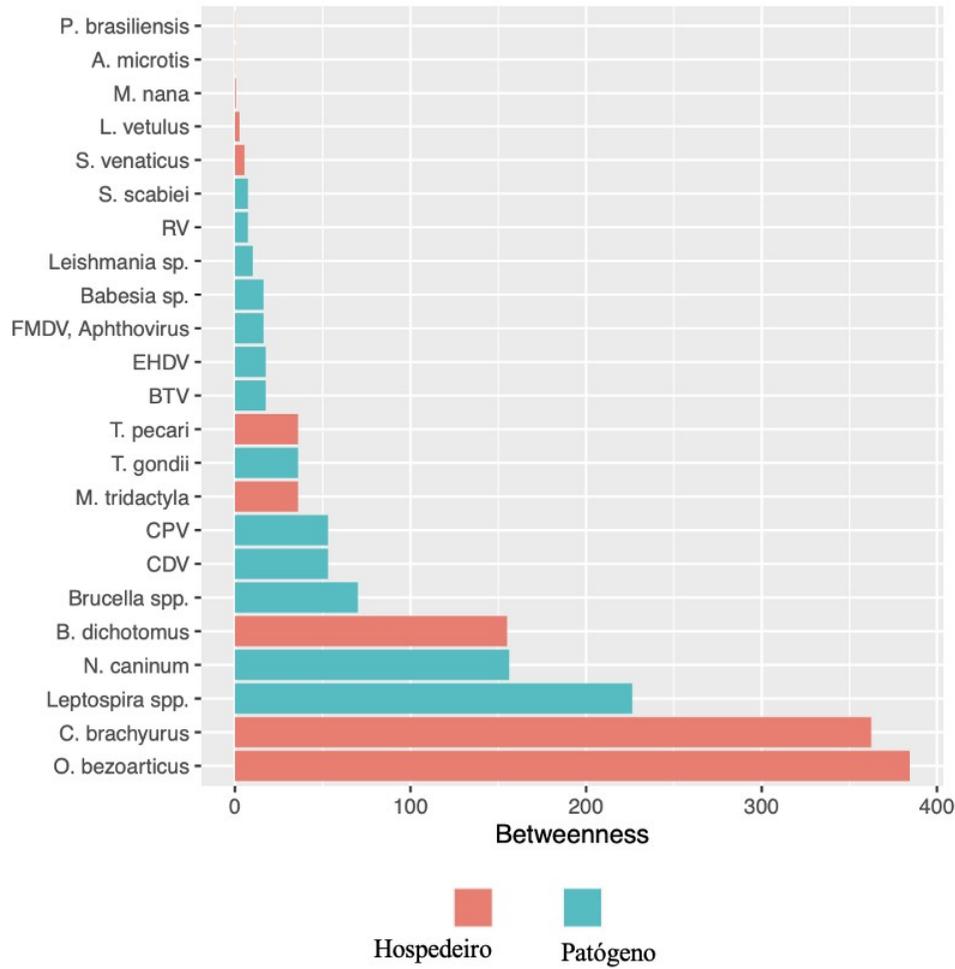


**Rede 2**

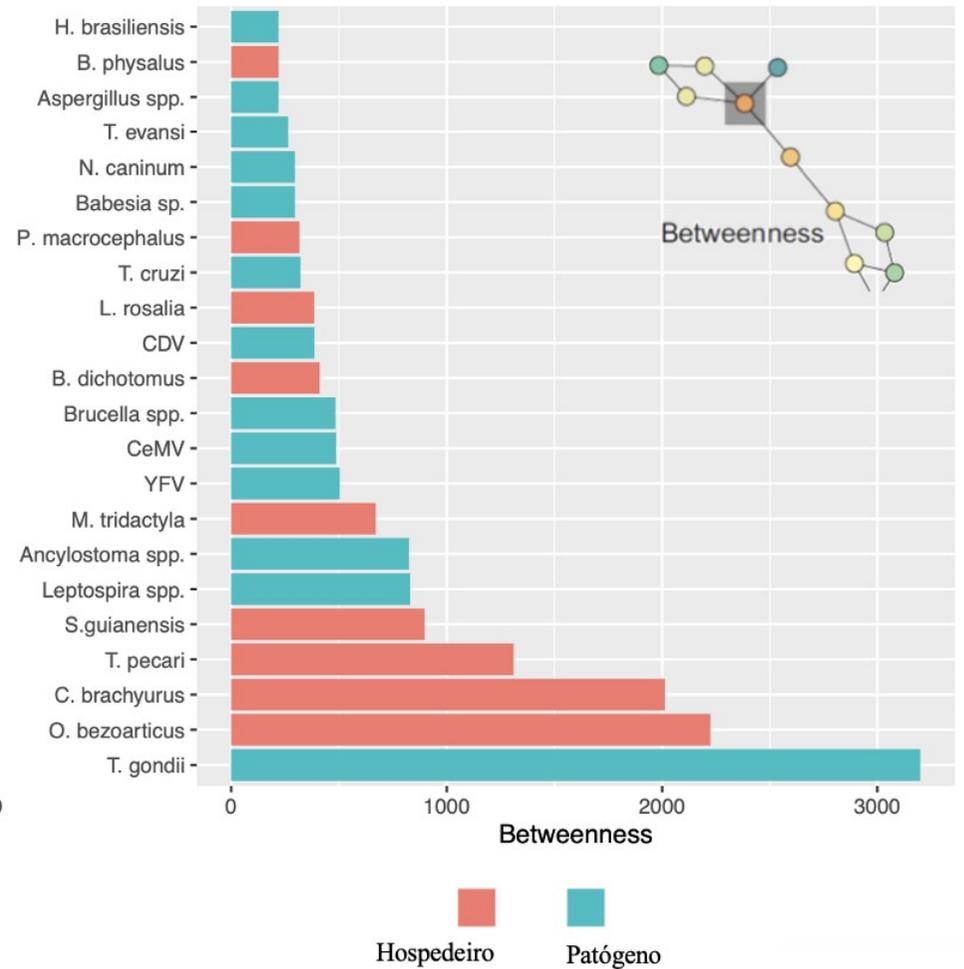


**Anexo C - Medida de centralidade Betweenness: Rede 1 (dados oficiais) e Rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)**

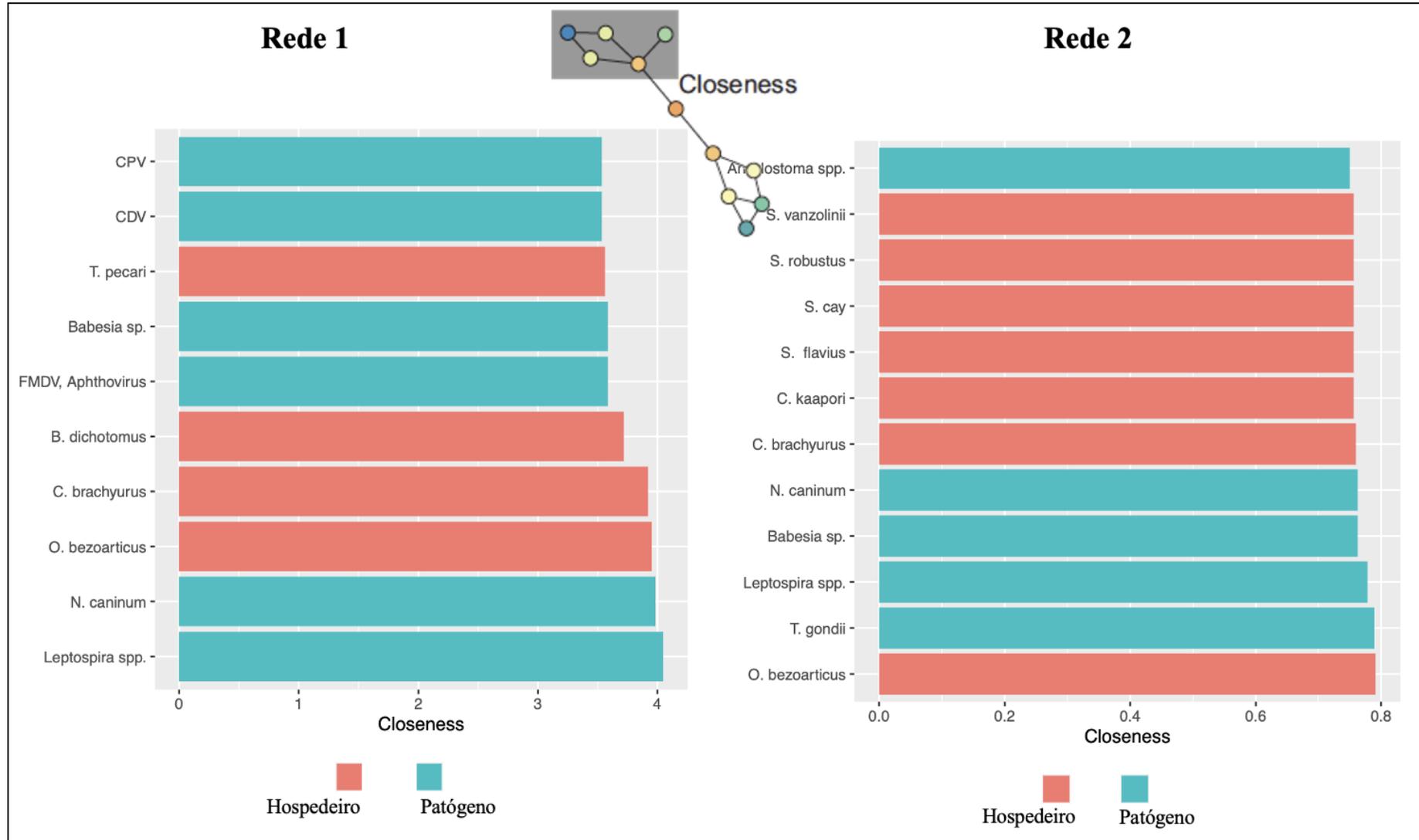
**Rede 1**



**Rede 2**



**Anexo D - Medida de centralidade Closeness: Rede 1 (dados oficiais) e Rede 2 (dados oficiais + literatura indexada)**



**Anexo E – Banco de dados de hospedeiros - patógenos**







































Ordem	Família	Hospedeiro	Influenza virus A	Yellow Fever Virus (YFV)	<i>Sporothrix schenckii</i>	<i>Aspergillus</i> spp.	<i>Trypanossoma cruzi</i>	<i>Trypanossoma evansi</i>	<i>Leishmania</i> sp.	<i>Leishmania braziliensis</i>	<i>Leishmania infantum</i>	<i>Babesia</i> sp.	<i>Anaplasma</i> spp.	<i>Hepatozoon</i> spp.	<i>Toxoplasma gondii</i>	<i>Neospora caninum</i>	<i>Eimeria</i> spp.	<i>Rangelia vitalli</i>	<i>Theileria</i> spp.
Chiroptera	Phyllostomidae	<i>Xeronycteris vieirai</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Chiroptera	Vespertilionidae	<i>Eptesicus taddeii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Caluromysiops irrupta</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Marmosops paulensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Monodelphis sp. nov.</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Thylamys macrurus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Didelphimorphia	Didelphidae	<i>Thylamys velutinus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Perissodactyla	Tapiriidae	<i>Tapirus terrestris</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pilosa	Bradypodidae	<i>Bradypus torquatus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pilosa	Myrmecophagidae	<i>Myrmecophaga tridactyla</i>	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0
Primata	Atelidae	<i>Alouatta belzebul</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Alouatta discolor</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Alouatta guariba clamitans</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Alouatta guariba guariba</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Alouatta ululata</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Ateles belzebuth</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Ateles chamek</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Ateles marginatus</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

Ordem	Família	Hospedeiro	Influenza virus A	Yellow Fever Virus (YFV)	<i>Sporothrix schenckii</i>	<i>Aspergillus</i> spp.	<i>Trypanossoma cruzi</i>	<i>Trypanossoma evansi</i>	<i>Leishmania</i> sp.	<i>Leishmania braziliensis</i>	<i>Leishmania infantum</i>	<i>Babesia</i> sp.	<i>Anaplasma</i> spp.	<i>Hepatozoon</i> spp.	<i>Toxoplasma gondii</i>	<i>Neospora caninum</i>	<i>Eimeria</i> spp.	<i>Rangelia vitalli</i>	<i>Theileria</i> spp.
Primata	Atelidae	<i>Brachyteles arachnoides</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Brachyteles hypoxanthus</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Lagothrix cana cana</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Lagothrix lagothricha</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Atelidae	<i>Lagothrix poeppigii</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Callithrix aurita</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Callithrix flaviceps</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Leontopithecus caissara</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Leontopithecus chrysomelas</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Leontopithecus chrysopygus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Leontopithecus rosalia</i>	0	2	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Mico rondoni</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Saguinus bicolor</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Callitrichidae	<i>Saguinus niger</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Cebidae	<i>Cebus kaapori</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Cebidae	<i>Saimiri vanzolinii</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Cebidae	<i>Sapajus cay</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Cebidae	<i>Sapajus flavius</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Primata	Cebidae	<i>Sapajus robustus</i>	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0

















## Anexo F – Valores de intermediação (Rede 1 e Rede 2)

### Rede 1

	id	label	node.type	Closeness	Degree	Betweenness	Net
1	1	<i>C. brachyurus</i>	Host	0.003921569	9	362.5666667	Oficial
2	2	<i>M. tridactyla</i>	Host	0.003115265	2	36	Oficial
3	3	<i>B. dichotomus</i>	Host	0.003717472	7	155	Oficial
4	4	<i>O. bezoarticus</i>	Host	0.003952569	15	384.5	Oficial
5	5	<i>T. pecari</i>	Host	0.003558719	2	36	Oficial
6	6	<i>T. terrestris</i>	Host	0.000594884	1	0	Oficial
7	7	<i>M. nana</i>	Host	0.002967359	2	0.5	Oficial
8	8	<i>P. brasiliensis</i>	Host	0.003154574	2	0.2	Oficial
9	9	<i>A. microtis</i>	Host	0.003154574	2	0.2	Oficial
10	10	<i>L. vetulus</i>	Host	0.003174603	3	2.533333333	Oficial
11	11	<i>S. venaticus</i>	Host	0.003194888	4	5.5	Oficial
12	12	<i>A. guariba clamitans</i>	Host	0.000594884	1	0	Oficial
13	13	<i>S. guianensis</i>	Host	0.003095975	1	0	Oficial
14	14	<i>Brucella spp.</i>	Pathogen	0.003484321	2	70	Oficial
15	15	<i>B. abortus</i>	Pathogen	0.00280112	1	0	Oficial
16	16	<i>Leptospira spp.</i>	Pathogen	0.004048583	4	226.25	Oficial
17	17	<i>M. bovis</i>	Pathogen	0.000594884	1	0	Oficial
18	18	<i>E. canis</i>	Pathogen	0.003436426	1	0	Oficial
19	19	<i>E. chaffeensis</i>	Pathogen	0.003278689	1	0	Oficial

20	20	BTV	Pathogen	0.00330033	2	17.5	Oficial
21	21	EHDV	Pathogen	0.00330033	2	17.5	Oficial
22	22	FMDV, Aphthovirus	Pathogen	0.003584229	2	16.25	Oficial
23	23	CPV	Pathogen	0.003533569	5	53.05	Oficial
24	24	CDV	Pathogen	0.003533569	5	53.05	Oficial
25	25	RV	Pathogen	0.003460208	2	7.416666667	Oficial
26	26	YFV	Pathogen	0.000594884	1	0	Oficial
27	27	<i>T. evansi</i>	Pathogen	0.003154574	1	0	Oficial
28	28	<i>Leishmania</i> sp.	Pathogen	0.003460208	2	10.06666667	Oficial
29	29	<i>Babesia</i> sp.	Pathogen	0.003584229	2	16.25	Oficial
30	30	<i>Anaplasma</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
31	31	<i>T. gondii</i>	Pathogen	0.003484321	2	36	Oficial
32	32	<i>N. caninum</i>	Pathogen	0.003984064	3	156.25	Oficial
33	33	<i>M. expansa</i>	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
34	34	<i>Haemonchus</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
35	35	<i>Trichostrongylus</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
36	36	<i>Paramphistomun</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
37	37	<i>Lipoptena</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
38	38	<i>D. hominis</i>	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
39	39	<i>Ixodes</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
40	40	<i>Amblyomma</i> spp.	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial
41	41	<i>B. microplus</i>	Pathogen	0.003460208	1	0	Oficial

42	42	<i>S. scabiei</i>	Pathogen	0.003460208	2	7.41666667	Oficial

## Rede 2

	id	label	node.type	Closeness	Degree	Betweenness	Net
1	1	<i>T. pecari</i>	Host	0.000740741	14	1310.882439	All
2	2	<i>C. brachyurus</i>	Host	0.000759878	16	2013.329304	All
3	3	<i>P. macrocephalus</i>	Host	0.00070922	3	316.9932525	All
4	4	<i>M. tridactyla</i>	Host	0.000692521	7	671.1952936	All
5	5	<i>S. guianensis</i>	Host	0.000745156	5	897.2858152	All
6	6	<i>E. australis</i>	Host	0.000636943	1	0	All
7	7	<i>P. blainvillei</i>	Host	0.00060241	2	111	All
8	8	<i>B. dichotomus</i>	Host	0.000723589	7	410.7884782	All
9	9	<i>O. bezoarticus</i>	Host	0.000791139	17	2223.283394	All
10	10	<i>T. terrestris</i>	Host	7.06E-05	3	3	All
11	11	<i>T. inunguis</i>	Host	6.94E-05	1	0	All
12	12	<i>I. geoffrensis</i>	Host	0.000641849	2	111	All
13	13	<i>M. nana</i>	Host	0.000625	2	0.5	All
14	14	<i>P. brasiliensis</i>	Host	0.000661376	2	1.485714286	All
15	15	<i>A. microtis</i>	Host	0.000661376	2	1.485714286	All
16	16	<i>L. vetulus</i>	Host	0.00066313	4	10.14761905	All
17	17	<i>S. venaticus</i>	Host	0.00066313	4	10.14761905	All
18	18	<i>B. physalus</i>	Host	0.000667557	2	220	All
19	19	<i>A. belzebul</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All

20	20	<i>A. discolor</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
21	21	<i>A. guariba clamitans</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
22	22	<i>A. guariba guariba</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
23	23	<i>A. ululata</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
24	24	<i>A. belzebuth</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
25	25	<i>A. chamek</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
26	26	<i>A. marginatus</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
27	27	<i>B. hypoxanthus</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
28	28	<i>C. aurita</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
29	29	<i>C. flaviceps</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
30	30	<i>L. rosalia</i>	Host	0.000749625	4	384.6760156	All
31	31	<i>S. bicolor</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
32	32	<i>S. niger</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
33	33	<i>C. kaapori</i>	Host	0.00075643	5	175.3744817	All
34	34	<i>S. vanzolinii</i>	Host	0.00075643	5	175.3744817	All
35	35	<i>S. cay</i>	Host	0.00075643	5	175.3744817	All
36	36	<i>S. flavius</i>	Host	0.00075643	5	175.3744817	All
37	37	<i>S. robustus</i>	Host	0.00075643	5	175.3744817	All
38	38	<i>S. xanthosternos</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
39	39	<i>C. barbarabrownae</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
40	40	<i>C. coimbrai</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
41	41	<i>C. melanochir</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All

42	42	<i>C. personatus</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
43	43	<i>C. atanas</i>	Host	0.000727802	3	112.594508	All
44	44	<i>C. utahickae</i>	Host	0.000726744	2	1.594507965	All
45	45	<i>B. arachnoides</i>	Host	0.000725689	1	0	All
46	46	<i>L. cana cana</i>	Host	0.000725689	1	0	All
47	47	<i>L. agothricha</i>	Host	0.000725689	1	0	All
48	48	<i>L. poeppigii</i>	Host	0.000725689	1	0	All
49	49	<i>L. caissara</i>	Host	0.000726744	2	19.34559096	All
50	50	<i>L. chrysomelas</i>	Host	0.000726744	2	19.34559096	All
51	51	<i>L. chrysopygus</i>	Host	0.000726744	2	19.34559096	All
52	52	<i>M. rondoni</i>	Host	0.000725689	1	0	All
53	53	<i>C. hosomi</i>	Host	0.000725689	1	0	All
54	54	<i>L. geoffroyi</i>	Host	0.000651042	1	0	All
55	55	<i>L. tigrinus</i>	Host	6.94E-05	1	0	All
56	56	<i>B. musculus</i>	Host	0.000582072	1	0	All
57	57	<i>B. bronchiseptica</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All
58	58	<i>Brucella</i> spp.	Pathogen	0.000720981	3	484.0093994	All
59	59	<i>B. abortus</i>	Pathogen	0.000701754	2	123.0160513	All
60	60	<i>Brucella ceti</i>	Pathogen	0.000688231	1	0	All
61	61	<i>C. perfringens</i>	Pathogen	0.000685401	2	111	All
62	62	<i>E. tarda</i>	Pathogen	0.000657462	1	0	All
63	63	<i>E. kobei</i>	Pathogen	0.000564653	1	0	All
64	64	<i>E. rhusiopathiae</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All

65	65	<i>Leptospira</i> spp.	Pathogen	0.00077821	4	830.7016786	All
66	66	<i>M. bovis</i>	Pathogen	7.06E-05	1	0	All
67	67	<i>M. tuberculosis</i>	Pathogen	7.06E-05	1	0	All
68	68	<i>M. haemofelis</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All
69	69	<i>M. hyopneumoniae</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All
70	70	<i>C. Mycoplasma haemominutum</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All
71	71	<i>C. Mycoplasma turicensis</i>	Pathogen	0.000684463	1	0	All
72	72	<i>Salmonella</i> spp.	Pathogen	7.06E-05	1	0	All
73	73	<i>S. entérica</i>	Pathogen	6.94E-05	1	0	All
74	74	<i>S. iniae</i>	Pathogen	0.000599161	1	0	All
75	75	<i>E. canis</i>	Pathogen	0.000700771	1	0	All
76	76	<i>E. chaffeensis</i>	Pathogen	0.000691085	2	41.09337531	All
77	77	BTV	Pathogen	0.000670691	2	55	All
78	78	EHDV	Pathogen	0.000670691	2	55	All
79	79	FMDV, Aphthovirus	Pathogen	0.000732601	2	66.11560914	All
80	80	BVDV-1	Pathogen	0.000684463	1	0	All
81	81	CPV	Pathogen	0.000704722	5	139.014071	All
82	82	CDV	Pathogen	0.000712758	6	385.7626693	All
83	83	CeMV	Pathogen	0.000718907	3	487.3721371	All
84	84	RV	Pathogen	0.000701754	2	22.76822694	All
85	85	<i>H. simplex</i>	Pathogen	0.000643087	1	0	All
86	86	Gammaherpesvirinae	Pathogen	0.000688231	1	0	All

87	87	IA	Pathogen	0.000701754	2	123.0160513	All
88	88	YFV	Pathogen	0.000740192	26	504.0529591	All
89	89	<i>Aspergillus</i> spp.	Pathogen	0.000644745	2	220	All
90	90	<i>T. cruzi</i>	Pathogen	0.000735835	2	321.5766571	All
91	91	<i>T. evansi</i>	Pathogen	0.000749064	2	264.811771	All
92	92	<i>Leishmania</i> sp.	Pathogen	0.000701754	2	22.76822694	All
93	93	<i>Babesia</i> sp.	Pathogen	0.000762777	3	295.3385962	All
94	94	<i>Anaplasma</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
95	95	<i>Hepatozoon</i> spp.	Pathogen	0.000700771	1	0	All
96	96	<i>T. gondii</i>	Pathogen	0.000789266	37	3199.681635	All
97	97	<i>N. caninum</i>	Pathogen	0.000762777	3	295.3385962	All
98	98	<i>Eimeria</i> spp.	Pathogen	0.000643087	1	0	All
99	99	<i>R. vitalli</i>	Pathogen	0.000700771	1	0	All
100	100	<i>Theileria</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
101	101	<i>M. expansa</i>	Pathogen	0.000727273	1	0	All
102	102	<i>Haemonchus</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
103	103	<i>Strongyloides</i> spp.	Pathogen	0.000701754	5	2	All
104	104	<i>D. renale</i>	Pathogen	0.000701754	2	111	All
105	105	<i>Ancylostoma</i> spp.	Pathogen	0.000750188	6	824.9806769	All
106	106	<i>S. upi</i>	Pathogen	0.000700771	1	0	All
107	107	<i>D. immitis</i>	Pathogen	6.94E-05	1	0	All
108	108	<i>Enterobius</i> spp.	Pathogen	0.000701754	5	2	All

109	109	<i>Trichostrongylus</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
110	110	<i>H. brasiliensis</i>	Pathogen	0.000690131	2	220	All
111	111	<i>C. boopis</i>	Pathogen	0.000622278	2	111	All
112	112	<i>P. elegans</i>	Pathogen	0.000694927	4	15.42611111	All
113	113	<i>P. illiciens</i>	Pathogen	0.000673401	1	0	All
114	114	<i>Paramphistomun</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
115	115	<i>Lipoptena</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
116	116	<i>D. hominis</i>	Pathogen	0.000727273	1	0	All
117	117	<i>Ixodes</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
118	118	<i>Amblyomma</i> spp.	Pathogen	0.000727273	1	0	All
119	119	<i>B. microplus</i>	Pathogen	0.000727273	1	0	All
120	120	<i>S. scabiei</i>	Pathogen	0.000702741	3	46.15550149	All
121	121	<i>C. hominivorax</i>	Pathogen	0.000700771	1	0	All

**Anexo G - Ficha de Campo**



Identificação		Espécie					Nº fotografia											
<b>Ambiente</b>																		
Coordenadas geográficas	Localização	Data	Horário	Reflexibilidade da Luz		T (C°)	Intempérie climática			Umidade								
<b>Exame físico</b>																		
Epífises ósseas	Desgaste Dentário	Maturidade			Sexo		Col. Mucosas	T (C°)	ICC	Peso	Status Rep.		Grau de desidratação			Atividade		
		F	J	A	M	F					F.G.	F.L.	S/	L	M	G	1	2
<b>Biometria</b>																		
Comp. Total	Comp. Cabeça	Comp. Cauda.	Comp. Antebraço		Enverg. Asa	Circunf. Cabeça	Alt. e larg. orelhas		Alt. e larg. Folha nasal		Circunf. Pescoço							
<b>Coletas</b>																		
<b>Fezes:</b> <input type="checkbox"/> Formol <input type="checkbox"/> MIF <input type="checkbox"/> DP <input type="checkbox"/> Congelar <input type="checkbox"/> Outro:					<b>Sangue:</b> <input type="checkbox"/> EDTA <input type="checkbox"/> S/ aditivo <input type="checkbox"/> PBS <input type="checkbox"/> MTV <input type="checkbox"/> Outro:					<b>Ectoparasitas:</b> <input type="checkbox"/> Álcool absoluto <input type="checkbox"/> Formol <input type="checkbox"/> Congelar <input type="checkbox"/> Outro:								
<b>Observações:</b>																		

Legenda: Maturidade – Filhote (F), Juvenil (J), Adulto (A); Sexo- Macho (M), Fêmea (F); Status reprodutivo – Fêmea gestante (F.G.), Fêmea lactante (F. L), Macho escrotado (M.E.), Macho não escrotado (M.N.E.); Grau de desidratação – Sem (S/), Leve (L), Moderada (M), Grave (G), Atividade – Ativo e responsivo (1), Não ativo e responsivo (2), Não responsivo (3).

## Anexo H - Sequências genéticas utilizadas na árvore filogenética

MH411067.1 *Trypanosoma* sp. RM 876 (Neobat 4)

AAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAAGTCCATTG  
 GAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTTCGAGGGGGCA  
 CTCGTGCGCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTCGGCAGACCTCGGTCTCGCCTT  
 CCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGG  
 GAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACT  
 ACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGG  
 ATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGA  
 ATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCC  
 AATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTAAC  
 GGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAGGT

MW618907.1 *Trypanosoma* sp. LBT\_7565 (Neobat 4)

TGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAA  
 AAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTT  
 CGAGGGGGCACTCGTTCGCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTCGGCAGACCTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA  
 AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATG  
 ACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTC  
 CTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCT  
 TTGAGGTTACAGTCTCAG

KT368796.1 *Trypanosoma* sp. RNMO63 (Neobat 1)

ACCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTATATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGG  
 TTCGTAGTTGAATTGAGGGCCTTTGAGGCGCAATGGTTTAGTCCCTTCCACTTCGG  
 ATTGGTGACCCATGCCCTTGAGGTCCGTGAACACTCAGAAACAAAAACACGGG  
 AGTGGTACCTTTCTGATTTCCGCATGTCATGCATGCCAGAGGGCGCCCGTGATTTT  
 TACTGTGACTAAAAAAGTGTGACCAAAGCAGTCATTCGACTTGAATTAGAAAGCA  
 TGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAA

AAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTTCGGGTGATTTCTCCCTT  
 CGAGGAGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTCGGCAGGCTTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTTCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA  
 AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATG  
 ACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTC  
 CTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCTTCGCAAGG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCT  
 TTGAGGTTACAGTCTCAGA

KT368795.1 *Trypanosoma* sp. RNMO56 (Neobat 1)

ACCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTATATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGG  
 TTCGTAGTTGAATTGAGGGCCTTTGAGGCGCAATGGTTTAGTCCCTTCCACTTCGG  
 ATTGGTGACCCATGCCCTTGAGGTCCGTGAACACTCAGAAACAAAAACACGGG  
 AGTGGTACCTTTCTGATTTCCGCATGTCATGCATGCCAGAGGGCGCCCGTGATTTT  
 TACTGTGACTAAAAAGTGTGACCAAAGCAGTCATTCGACTTGAATTAGAAAGCA  
 TGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGTTTAA  
 AAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTTCGGGTGATTTCTCCCTT  
 CGAGGAGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTCGGCAGGCTTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTTCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA  
 AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATG  
 ACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTC  
 CTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCTTCGCAAGG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCT  
 TTGAGGTTACAGTCTCAGA

MH411065.1 *Trypanosoma* sp. EM 788 (Neobat 2)

TATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGTTTAAAAGTCCATTGGAGATTATGGAG  
 CTGTGCGACAAGCGGTTCGGGTGATTTCTCCCTTTGAGGGGACACTCGTCGCCTTT  
 GTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTGGTAGACTTCGGTCTGTCCTTCCCGTCATCTTCC  
 CTCAACTCACTGCTTCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGTACTG  
 GTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAAGGCA

TTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGATGAT  
 TAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGAGTTT  
 TTGGTCGTAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCAATGAATATTAA  
 TTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTTACGGGAATATCCTC  
 AGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAG

MH411063.1 *Trypanosoma* sp. EM 772 (Neobat 2)

GGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAAGTCCATTGGA  
 GATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCGGGTGATTTCTCCCTTTGAGGGGACACT  
 CGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTGGTAGACTTCGGTCTGTCCTTCCC  
 GTCATCTTCCCTCAACTCACTGCTTCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAG  
 AACGTAAGTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACA  
 GCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATC  
 GAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATT  
 GGGGAGTTTTTGGTCGTAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCAAT  
 GAATATTAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTTACGGG  
 AATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAGGTT

MH411062.1 *Trypanosoma* sp. EM 716 (Neobat 3)

TTGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTA  
 AAAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCGGGTGATTTCTCCCT  
 TCAAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTGGGTAGACTT  
 CGGTCTGTCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTCCAGGAATGAAGGAG  
 GGTAGTTCGGGGGAGAACGTAAGTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCA  
 CCAAGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAAC  
 CAAAGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACG  
 ATGACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTCGTAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCG  
 CTCCTCGTCTCGCCAATGAATATTAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCA  
 AGGGGGCCTTTTACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAA  
 GCTTTGAGGTT

MH411066.1 *Trypanosoma* sp. EM 739 (Neobat 3)

AAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAAGTCCATTG  
 GAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCGGGTGATTTCTCCCTTCAAGGGGGCA  
 CTCGTGCGCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTGGGTAGACTTCGGTCTGTCCTT  
 CCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGG  
 GAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACT  
 ACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGG  
 ATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGA  
 ATTGGGGAGTTTTTGGTTCGTAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCC  
 AATGAATATTAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTTAC  
 GGGAAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTACGCGAAAGCTTTGAGG

KT030876.1 *T. wauwau* ROM114151

CAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAAGTCCATTGGAGATTA  
 TGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCGGGTGATTTCTCCCTTGAGGGGACACTCGTCGC  
 CTTTGTGGGAAATCCGTGGCGAGATTGGTGGGCTTCGGTCACGCCGTCCTCGTCAT  
 CTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGT  
 ACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAA  
 GGCATTCTTCAAGGATACCTTCCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGA  
 TGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGA  
 GTTTTTGGTTCGAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCAATGAATA  
 TCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGACCTTTAACGGGAATAT  
 CCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTACGCGAAAGCTTTGAGGT

KT030810.1 *T. wauwau* TCC411

ATATGCTTGTTC AAGGACTTAGCCATGCATGCCTCAGAATCACTGCATTGCAGG  
 AATCTGCGCATGGCTCATTACATCAGACGTAATCTGCCGAAAAATCTTGCGGTC  
 TCCGCAACATTGGATAACTTGGCGAAACGCCAAGCTAATACATGAACCAACCGG  
 ATGTTCTCTGTTCCGGCGGTGGGGCGACTCACCGCCATGGGACGTCCAGCGAATG  
 AATGAAAGTAAACCCAATGCCTTACAGGCAGTTACACTCAGAAGTGTTGATTCA  
 ATTCATTCCGTCCGAAAGCTGGGATTATTTCTGGCGTCTTTTGACGAACAACTGCC  
 CTATCAGCCAGTGATGGCCGTGTAGTGGACTGCCATGGCGTTGACGGGAGCGGG  
 GGATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAATAGCTACCACCTCCACG  
 GAGGGCAGCAGGCGCGCAAATTGCCCAATGTCAAAAAAAAAACGATGAGGCAGCG  
 AAAAGAAATAGAGCAGACAGTGCATTTTTTGCATTGTCTTTTTCAATGGGGGATA

TTAAACCCATCCAAAATCGAGTAACAATTGGAGGACAAGTCTGGTGCCAGCACC  
 CGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTATATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGGTTC  
 GTAGTTGAATTGAGGGCCTTTGAGGCGCAATGGTTTAGTCCCTTCCACTTCGGATT  
 GGTGACCCATGCCCTTGGGGTCCGTGAACACTCAGAAACAAGAAACACGGGAGT  
 GGTACCTTTCTGATTTCCGCATGTCATGCATGCCAGAGGGCGCCCGTGATTTTTAC  
 TGTGACTAAAAAAGTGTGACCAAAGCAGTCATTCGACTTGAATTAGAAAGCATG  
 GGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAA  
 GTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCTGGGTGATTTCTCCCTTGA  
 GGGGACACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGAGATTGGTGGGCTTCGGTC  
 ACGCCGTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAG  
 TTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAG  
 ACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCTCAATCAAGAACCAAAG  
 TGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGAC  
 ACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCTGGGTTCATCTCGCTCCT  
 CGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCTCGCAAGGGG  
 ACCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTACGCGAAAGCTTTG  
 AGGTTACAGTCTCAGGGGGGAGTACGTTTCGCAAGAGTGAACTTAAAGAAATTG  
 ACGGAATGGCACCACAAGACGTGGAGCGTGCGGTTTAATTTGACTCAACACGGG  
 GAACTTTACCAGATCCGGACAGGGTGGAGATTGACAGATTGAGTGTTCTTTCTCG  
 ATCCCCTGAATGGTGGTGCATGGCCGCTTTTGGTCTGGTGGAGTGATTTGTTTGGTT  
 GATTCCGTCAACGGACGAGATCCAAGCTGCCAGTAGGATTCAGAATTGCCATA  
 GGATAGCAATCCCTTCCGCGGGTTTTACCCAAGGGAGGGCGGTATTCGTTTGTAT  
 CCTTCTCTGCGGGATTCTTGTGTTTGCACAAGGTGAGATTTTGGGCAACAGCAGGT  
 CTGTGATGCTCCTCAATGTTCTGGGCGACACGCGCACTACAATGTCAGTGAGAAC  
 AAGAAAAACGACTCTTGTCGGACCTACTTGATCAAAGAGTGGGAAAACCCCGG  
 AATCACGTAGACCCACTTGGGACCGAGTATTGCAATTATTGGTCTGCGCAACGAGG  
 AATGTCTCGTAGGCGCAGTTCATCAAAGTGTGCCGATTACGTCCCTGCCATTTGTA  
 CACACCGCCCGTCGTTGTTTCCGATGATGGTGCAATACAGGTGATCGGACAGTCG  
 AGTGTTTCACTTGACCGAAAGTTCACCGATATTTCTTCAATAGAGGAAGCAA

P04 Biod. & Saude UESC

AGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTTCGAGGGGGCAC  
 TCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGGCGTCTGGCAGACCTCGGTCTCGCCTTC

CCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGG  
 AGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTA  
 CAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGA  
 TCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAA  
 TTGGGGAGTTTTTGGTCGCAGGCGAGGTTCGGGTTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCA  
 ATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGC

P09 Biod. & Saude UESC

AAAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCT  
 TCGAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTCGGCAGACCTC  
 GGTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGG  
 GTAGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCC  
 AAGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCA  
 AAGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGAT  
 GACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTCGCAGGCGAGGTTCGGGTTTCATCTCGCT  
 CCTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGT

P10 Biod. & Saude UESC

AAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTT  
 CGAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTCGGCAGACCTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA  
 AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATG  
 ACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTCGCAGGCGAGGTTCGGGTTTCATCTCGCTC  
 CTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGT

UC10 Biod. & Saude UESC

AAGTCCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTT  
 CGAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTTCGGCAGACCTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA

AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATG  
 ACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTCGCAGGCGAGGTCGGGTTACAGCTCGCTC  
 CTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGG  
 GGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGT

UC27 Biod. & Saude UESC

GGAGCTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTTCGAGGGGGCACTCGTCGC  
 CTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTCGGCAGACCTCGGTCTCGCCTTCCCGTCAT  
 CTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGT  
 ACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAA  
 GGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGA  
 TGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGA  
 GTTTTTGGTCGCAGGCGAGGTCGGGTTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCAATGAATA  
 TCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTAACGGGAAT

UC55 Biod. & Saude UESC

GGGTGATTTCTCCCTTCGAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCG  
 GCGTCGGCAGACCTCGGTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTC  
 AGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTGAAA  
 TTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTC  
 CTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTC  
 CACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTCGCAGGCGAGGT  
 CGGGTTCATCTCGCTCCTCGTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTT  
 TTTGGTCCTCGCAAGGGGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGT

>UC58 Biod. & Saude UESC

CCATTGGAGATTATGGAGCTGTGCGACAAGCGGTCGGGTGATTTCTCCCTTCGAG  
 GAGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTCGGCAGGCTTCGGTCT  
 CGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGTAGT  
 TCGGGGGAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGA  
 CGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGT  
 GTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACA

CCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCCTC  
 GTCTCGCCAATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGCAAGGGGG  
 CCTTTAACGGGAAaTATCCTCAGCACGT

>UC80 (G01) Biod. & Saude UESC

GTCCATTGGAGATTTATGGAGCTTGTGCGACAAGCGGCCGGGTGATTTCTCCCTTT  
 CGAGGGGGCACTCGTCGCCTTTGTGGGAAATCCGTGGCGGCGTCGGCAGACCTCG  
 GTCTCGCCTTCCCGTCATCTTCCCTCAACTCACAGCTTTCAGGAATGAAGGAGGGT  
 AGTTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCATCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCA  
 AGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAA  
 AGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAACGATGA  
 CACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGCAGGCGAGGTCGGGTTCATCTCGCTCC  
 TCGTCTCGCCATGAATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTTGGTCCTCGC

MN385674.1 *T. dionisii* C00737

CCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAAGTCCATTGGAGATTATGGGGCAGTGTGAC  
 AAGCGGCTGGGTGATGATATCCCACACACCTTCATTGCGTGTTGTGGCACACTCG  
 TCGCCTTTGGGGGAAATCCGTGGCGCTGTTGACGGACTTCGGTCCCATCTTCACG  
 CGTCGCCTTCCCTCAACTCACGGCATCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGA  
 GAACGTACTGGTGCATCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTAC  
 AGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGAT  
 CGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAAT  
 TGGGGAGTTTTTGGTTCGTTTAGGCGTGGTTCGGGT  
 TACCCCGCTCCATCGTCTCGCCAATGAATGAATAATTTACGTGCATATTCTTTTTG  
 GTCCTCGTTTTTTTATGCGTGGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATC

FJ001667 *T. dionisii* TCC495

TGATCTGGTTGATTCTGCCAGTAGTCATATGCTTGTTTCAAGGACTTAGCCATGCA  
 TGCTCAGAATCACTGCATTGCAGGAATCTGCGCATGGCTCATTACATCAGACGT  
 AATCTGCCGCAAAAATCTTGCGGTCTCCGCAACATTGGATAACTTGGCGAAACGC  
 CAAGCTAATACATGAACCAACCGGATGTTCTCTGTTCCGGCGGTGGGGTGACCTG  
 CTGCCATGGGACGTCCAGCGAATGAATGAAAGTAAAACCAATGCCGCGTCAACG  
 GCAGTAACACCCAGAAGTGTGATTCAATTCATTCCGTGCGAAAGCTGGGTTTTTC  
 TTACCTGGCGTCTTTTGACGAACAACCTGCCCTATCAGCCAGCGATGGCCGTGTAG

TGGACTGCCATGGCGTTGACGGGAGCGGGGGATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGG  
GAGCCTGAGAAATAGCTACCACTTCTACGGAGGGCAGCAGGCCGCGCAAATTGCC  
CAATGTCAAAAAAAAAACGATGAGGCAGCGAAAAGAAATAGAGCCGACAGTGCTT  
TTGCATTGTCGTTTTTCAATGGGGGATATTTAAACCCATCCAAAATCGAGTAACAA  
TTGGAGGACAAGTCTGGTGCCAGCACCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTAT  
ATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGGTTCGTAGTTGAATTGTGGGCCTCTAAGGCGC  
AATGGTTTAGTCCCATCCACTTCGGATTGGTGACCCATGCCCTTGTGGTCCGTGAA  
CACTCAGAAACAAGAAACACGGGAGTGGTACCCTTTCTGATTTTTCGCATGTCATG  
CATGCCAGGGGGCGCCCGTGATTTTTACTGTGACTAAAAAGTGTGACCAAAGCA  
GTCATTGCACTTGAATTAGAAAGCATGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGCC  
ACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTAAAGTCCATTGGAGATTATGGGGCAGTGTGA  
CAAGCGGCTGGGTGATGATATCCACACACCTTCATTGCGTGTTGTGGCACACTC  
GTCGCCTTTGGGGGAAATCCGTGGCGCTGTTGACGGACTTCGGTCCCATCTTCAC  
GCGTCGCCTTCCCTCAACTCACGGCATCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGG  
AGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTA  
CAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCCTCAATCAAGAACCAAGTGTGGGGA  
TCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAA  
TTGGGGAGTTTTTGGTCGTTTAGGCGTGGTTCGGGTTTACCCCGCTCCATCGTCTCG  
CCAATGAATGAATAATTTACGTGCATA  
TTCTTTTTGGTCCTCGTTTTTTTTATGCGTGGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGCAC  
GTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAGGTTACAGTCTCAGGGGGGAGTAC  
GTTTCGAAGAGTGAAACTTAAAGAAATTGACGGAATGGCACCACAAGACGTGGA  
GCGTGCGGTTTAATTTGACTCAACACGGGGAACTTTACCAGATCCGGACAGGGTG  
AGGATTGACAGATTGAGTGTTCTTTCTCGATCCCCTGAATGGTGGTGCATGGCCG  
CTTTTGGTTCGGTGGAGTGATTTGTTTGGTTGATTCCGTCAACGGACGAGATCCAA  
GCTGCCCAGTAGGATTCAGAATTGCCCATAGGATAGCAATCCCTTCCGCGGGTTT  
TACCCAAGGGGGGGCGGTATTCGTTTGTATCCTTCTCTGCGGGATTCCCTTGTTTTG  
CGCAAGGTGAGATTTTGGGCAACAGCAGGTCTGTGATGCTCCTCAATGTTCTGGG  
CGACACGCGCACTACAATGTCAGTGAGAACAAGAAAAACGACTTTTGTTCGGACC  
TACTTGATCAAAAGAGTGGGAAAACCCCGGAATCACGTAGACCCACCTGGGACC  
GAGTATTGCAATTATTGGTCGCGCAACGAGGAATGTCTCGTAGGCGCAGCTCATC  
AAACTGTGCCGATTACGTCCCTGCCATTTGTACACACCCGCCCGTCGTTGTTTCCGA  
TGATGGTGCAATACAGGTGATCGGACAGTCGAGTGCTT

ACTTGACCGAAAGTTCACCGATATTTCTTCAATAGAGGAAGCAAAGTCGTAACA  
AGGTAGCTGTAGGTGAACCTGCAGCTGGATCA

P13 Biod. & Saude UESC

AAGTCCATTGGAGATTATGGGGCAGTGTGACAAGCGGCTGGGTGATGATATCCCA  
CACACCTTCATTGCGTGTGTGGCACACTCGTCGCCTTTGGGGGAAATCCGTGGC  
GCTGTTGACGGACTTCGGTCCCATCTTCACGCGTCGCCTTCCCTCAACTCACGGCA  
TCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCCTCAGAGGTG  
AAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACC  
TTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAG  
TCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGTTTAGGCG  
TGGTCGGGTTTACCCCGCTCCATCGTCTCGCCAATGAATGAATAATTTACGTGCAT  
ATTCTTTTTGGTCCCTCGTTTTTTTATGCGTGGGCCTTTAACGGGAATATCCTCAGC  
ACGT

KF192980.1 *Trypanosoma livingstonei* TCC1271

TGATCTGGTTGATTCTGCCAGTAGTCATATGCTTGTTTCAAGGACTTAGCCATGCA  
TGCCTCAGAATCACTGCATTGCAGGAATCTGCGCATGGCTCATTACATCAGACGT  
AATCTGCCGCAAAAATTTTGCGGTTTCCGCAACATTGGATAACTTGGCGAAACGC  
CAAGCTAATACATGAACAAACCGGATGCTCTCTGTTTCCGGCGATGGGTTTCCCC  
TGTCGCCTTGGGACGTCCAGCGAATGAATGAAAGTAAAACCAATGCCCTTCCCAG  
GGCAGTAACACCCAGCAGTGTGATTCAATTCATTCCGTGCGAAAGCTAGGTTTC  
TTACCTGGCGTCTTTTACGAACAACCTGCCCTATCAGCCAGTGATGGCCGTGTAG  
TGGACTGCCATGGCGTTGACGGGAGCGGGGGATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGG  
GAGCCTGAGAAATAGCTACCACTTCTACGGAGGGCAGCAGGCGCGCAAATTGCC  
CAATGTCAAAAAAAAAACGATGAGGCAGCGAAAAGAAATAGAGCCGACAGTGCCT  
TAGGCATTGTCGTTTTCAATGGGGGATATTTAAACCCATCCAATATCGAGTAACA  
ATTGGAGGACAAGTCTGGTGCCAGCACCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTA  
TATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGGTTCGTAGTTGAATTGTGGGTCTTTGAGGCGC  
AATGGTTTTAGTCCCGTCCACTTCGGATTGGTGACCCATGCCCTTGGGATCCGTGA  
ACACTCAGAAACAAGAAACACGGGAGTGGTACCCTTCTGATTTTCGCATGTCATG  
CATGCCAGGGGGCGTCCGTGATTTTTTACTGTGACTAAAAAGTGTGACCAAAGC  
AGTCATCCGACTTGAATTAGAAAGCATGGGATAACAAAGGAGCAGCCTATGGGC  
CACCGTTTCGGCTTTTGTGGTTTTTAAAGTCCATTGGAGATTATGGGGCTGTGTG

ACAAGCGGTTCGGGTGTTCTCCTTTTTTTGGTGGCACTCGTCGCCTTTGGGGGAAAT  
 CCGTGGCGTGGCGGGGGGCTTCGGCTTCCCTGTCCGCGTCGCCTTCCCTCAACTT  
 GCGGCACCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCGGGGGAGAACGTACTGGTGCCTCA  
 GAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGAACTACAGCGAAGGCATTCTTCAA  
 GGATACCTTCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTGGGGATCGAAGATGATTAGAGAC  
 CATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCCATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCG  
 TAGGCGTGGTTCGGGTTTCATCCTGCTCCACCGCCTCGCCAATATATATCAATTTACG  
 TGCATATTCTTTTCGGCCCCCGCAAGGGGGTCTTTAACGGGAATATCCTCAGCAC  
 GTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAGGTTACAGTCTCAGGGGGGAGTAC  
 GTTCGCAAGAGTGAAACTTAAAGAAATTGACGGAATGGCACCACAAGACGTGGA  
 GCGTGCGGTTTAATTTGACTCAACACGGGGAACTTTACCAGATCCGGACAGGGTG  
 AGGATTGACAGATTGAGTGTTCTTTCTCGATCCCCTGAATGGTGGTGCATGGCCG  
 CTTTTGGTTCGGTGGAGTGATTTGTTTGGTTGATTCCGTCAACGGACGAGATCCAA  
 GCTGCCCAGTAGGATTCAGAATTGCCCATAGGATAGCAATCCCTTCCGCGGGTTT  
 TACCCAAGGGGGGGCAGTATTCGTTTGTATCCTTCTCTGCGGGATTCTTGTTTTG  
 CGCAAGGTGAGATTTTGGGCAACAGCAGGTCTGTGATGCTCCTCAATGTTCTGGG  
 CGACACGCGCACTACAATGTCAGTGAGAACAAGAAAAACGACTCTTGTTCGGACC  
 TACTTGATCAAAAGAGTGGGAAAACCCCGGAATCACGTAGACCCACTTGGGACC  
 GAGTATTGCAATTATTGGTCGCGCAACGAGGAATGTCTCGTAGGCGCAGCTCATC  
 AACTGTGCCGATTACGTCCCTGCCATTTGTACACACCCGCCGTCGTTGTTTCCGA  
 TGATGGTGAATACAGGTGATCGGACAGTCGAGTGTTTCACTTGACCGAAAGTTC  
 ACCGATATTTCTTCAATAGAGGAAGCAAAAGTCGTAACAAGGTAGCTGTAGGTG  
 AACCTGCAGCTGGATCA

KF192982.1 *Trypanosoma livingstonei* TCC1298

TGATCTGGTTGATTCTGCCAGTAGTCATATGCTTGTTTCAAGGACTTAGCCATGCA  
 TGCCTCAGAATCACTGCATTGCAGGAATCTGCGCATGGCTCATTACATCAGACGT  
 AATCTGCCGCAAAAATTTGCGGTTTCCGCAACATTGGATAACTTGGCGAAACGC  
 CAAGCTAATACATGAACAAACCGGATGCTCTCTGTTTCCGGCGATGGGTTTCCCC  
 TGTCGCCTTGGGACGTCCAGCGAATGAATGAAAGTAAAACCAATGCCCTTCCCAG  
 GGCAGTAACACCCAGCAGTGTTGATTCAATTCATTCCGTGCGAAAGCTAGGTTTC  
 TTACCTGGCGTCTTTTGACGAACAACTGCCCTATCAGCCAGTGATGGCCGTGTAG  
 TGGACTGCCATGGCGTTGACGGGAGCGGGGGATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGG  
 GAGCCTGAGAAATAGCTACCACTTCTACGGAGGGCAGCAGGCGCGCAAATTGCC

CAATGTCAAAAAAAAAACGATGAGGCAGCGAAAAGAAATAGAGCCGACAGTGCCT  
TAGGCATTGTCGTTTTCAATGGGGGATATTTAAACCCATCCAATATCGAGTAACA  
ATTGGAGGACAAGTCTGGTGCCAGCACCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAAAGCGTA  
TATTAATGCTGTTGCTGTTAAAGGGTTCGTAGTTGATTGTGGGTCTTTGAGGCGCA  
ATGGTTTAGTCCCGTCCACTTCGGATTGGTGACCCATGCCCTTGGGATCCGTGAAC  
ACTCAGAAACAAGAAACACGGGAGTGGTACCCTTCTGATTTTCGCATGTCATGCA  
TGCCAGGGGGCGTCCGTGATTTTTTACTGTGACTAAAAAGTGTGACCAAAGCAG  
TCATCCGACTTGAATTAGAAAGCATGGGAT  
AACAAAGGAGCAGCTTATGGGCCACCGTTTCGGCTTTTGTTGGTTTTAAAAGTCC  
ATTGGAGATTATGGGGCTGTGTGACAAGCGGTCGGGTGTTCTCCTTTTTTTGGTGG  
CACTCGTCGCCTTTGGGGGAAATCCGTGGCGTGGCGGGGGGCTTCGGCTTTCCCT  
GTCCGCGTCGCCTTCCCTCAACTTGCGGCACCCAGGAATGAAGGAGGGTAGTTCCG  
GGGAGAACGTACTGGTGCGTCAGAGGTGAAATTCTTAGACCGCACCAAGACGA  
ACTACAGCGAAGGCATTCTTCAAGGATACCTTCCCTCAATCAAGAACCAAAGTGTG  
GGGATCGAAGATGATTAGAGACCATTGTAGTCCACACTGCAAACGATGACACCC  
ATGAATTGGGGAGTTTTTGGTTCGTAGGCGTGGTCGGGTTCATCCTGCTCCACCGC  
CTCGCCAATATATATCAATTTACGTGCATATTCTTTTCGGCCCCCGCAAGGGGGTC  
TTAACGGGAATATCCTCAGCACGTTATCTGACTTCTTCACGCGAAAGCTTTGAG  
GTTACAGTCTCAGGGGGGAGTACGTTTCGCAAGAGTGAAACTTAAAGAAATTGAC  
GGAATGGCACCAACAAGACGTGGAGCGTGCGGTTTAATTTGACTCAACACGGGGA  
ACTTTACCAGATCCGGACAGGGTGAGGATTGACAGATTGAGTGTTCTTTCTCGAT  
CCCCTGAATGGTGGTGCATGGCCGTTTTTGGTTCGGTGGAGTGATTTGTTTGGTTGA  
TTCCGTCAACGGACGAGATCCAAGCTGCCAGTAGGATTCAGAATTGCCCATAGG  
ATAGCAATCCCTTCCGCGGGTTTTACCCAAGGGGGGGCAGTATTCGTTTGTATCCT  
TCTCTGCGGGATTCCCTGTTTTGCGCAAGGTGAGATTTTGGGCAACAGCAGGTCT  
GTGATGCTCCTCAATGTTCTGGGCGACACGCGCACTACAATGTCAGTGAGAACAA  
GAAAAACGACTCTTGTCGGACCTACTTGATCAAAGAGTGGGAAAACCCCGGAA  
TCACGTAGACCCACTTGGGACCGAGTATTGCAATTATTGGTCGCGCAACGAGGAA  
TGTCTCGTAGGCGCAGCTCATCAAAGTGTGCCGATTACGTCCCTGCCATTTGTACA  
CACCGCCCGTCGTTGTTTCCGATGATGGTGCAATACAGGTGATCGGACAGTCGAG  
TGTTTCACTTGACCGAAAGTTCACCGATATTTCTTCAATAGAGGAAGCAAAGT