

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO  
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS -  
PPGVET

THÁBATA DOS ANJOS PACHECO

DIVERSIDADE DE CARRAPATOS E PESQUISA DE AGENTES  
INFECCIOSOS TRANSMITIDOS POR ARTRÓPODES EM PEQUENOS  
MAMÍFEROS SILVESTRES DO ESTADO DE MATO GROSSO, BRASIL

CUIABÁ - MT  
2020

UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO  
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS -  
PPGVET

THÁBATA DOS ANJOS PACHECO

DIVERSIDADE DE CARRAPATOS E PESQUISA DE AGENTES  
INFECCIOSOS TRANSMITIDOS POR ARTRÓPODES EM PEQUENOS  
MAMÍFEROS SILVESTRES DO ESTADO DE MATO GROSSO, BRASIL

Defesa de Tese apresentada  
ao Programa de Pós-  
graduação em Ciências  
Veterinárias, área de  
concentração: Sanidade  
Animal, da Faculdade de  
Medicina Veterinária da  
Universidade Federal de Mato  
Grosso para a obtenção do  
título de Doutora em Ciências  
Veterinárias.

Orientador: Prof. Dr. Richard de Campos Pacheco  
Co-orientadora: Profa. Dra. Michelle Igarashi Watanabe

CUIABÁ - MT  
2020



**MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO**  
**PRÓ-REITORIA DE ENSINO DE PÓS-GRADUAÇÃO**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS VETERINÁRIAS**  
**FOLHA DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO: DIVERSIDADE DE CARRAPATOS E PESQUISA DE AGENTES INFECCIOSOS TRANSMITIDOS POR ARTRÓPODES EM PEQUENOS MAMÍFEROS SILVESTRES DO ESTADO DE MATO GROSSO, BRASIL.**

AUTORA: DOUTORANDA Thábata dos Anjos Pacheco

Tese defendida e aprovada em 18 de setembro de 2020.

**COMPOSIÇÃO DA BANCA EXAMINADORA**

1. Doutor Richard de Campos Pacheco (Presidente Banca /Orientador)  
INSTITUIÇÃO: Universidade Federal de Mato Grosso
2. Doutora Valéria Dutra (Examinador Interno)  
INSTITUIÇÃO: Universidade Federal de Mato Grosso
3. Doutora Andréia Lima Tomé Melo (Examinador Externo)  
INSTITUIÇÃO: Universidade de Cuiabá
4. Doutora Andréa Pereira da Costa (Examinador Externo)  
INSTITUIÇÃO: Universidade Estadual do Maranhão
5. Doutor Francisco Borges Costa (Examinador Externo)  
INSTITUIÇÃO: Universidade Estadual do Maranhão
6. Doutor Luciano Nakazato (Examinador Suplente)  
INSTITUIÇÃO: Universidade Federal de Mato Grosso

Cuiabá, 18 de setembro de 2020



Documento assinado eletronicamente por **Andréa Pereira da Costa, Usuário Externo**, em 18/09/2020, às 09:38, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).

Documento assinado eletronicamente por **VALERIA DUTRA, Docente da Universidade Federal de**



**Mato Grosso**, em 18/09/2020, às 10:12, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Francisco Borges Costa, Usuário Externo**, em 18/09/2020, às 17:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Andréia Lima Tomé Melo, Usuário Externo**, em 18/09/2020, às 17:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **RICHARD DE CAMPOS PACHECO, Diretor(a) Geral do Hospital Veterinário - FAVET/HOVET/UFMT**, em 18/09/2020, às 17:24, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site

[http://sei.ufmt.br/sei/controlador\\_externo.php?](http://sei.ufmt.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0)

[acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](http://sei.ufmt.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **2842521** e o código CRC **CD4396AE**.

### **Dados Internacionais de Catalogação na Fonte.**

P116d Pacheco, Thábata dos Anjos.  
DIVERSIDADE DE CARRAPATOS E PESQUISA DE AGENTES  
INFECCIOSOS TRANSMITIDOS POR ARTRÓPODES EM PEQUENOS  
MAMÍFEROS SILVESTRES DO ESTADO DE MATO GROSSO, BRASIL /  
Thábata dos Anjos Pacheco. -- 2020  
100 f. : il. ; 30 cm.

Orientador: Richard de Campos Pacheco.  
Co-orientador: Michelle Igarashi Watanabe.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Mato Grosso, Faculdade de  
Agronomia, Medicina Veterinária, Programa de Pós-Graduação em Ciências  
Veterinárias, Cuiabá, 2020.  
Inclui bibliografia.

1. doenças. 2. vetores. 3. Mato Grosso. 4. roedores. 5. morcegos. I. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

**Permitida a reprodução parcial ou total, desde que citada a fonte.**

## **DEDICATÓRIA**

Dedico essa tese primeiramente a Deus, por ter me proporcionado a vida.

Dedico também os meus aos meus pais, Terezinha e Francisco, ao meu companheiro, Thiago Semedo, ao meu filho, Thomas Semedo e minha irmã Thálita, que foram de total importância para que eu chegasse até aqui. Serei eternamente grata a todos vocês pelo amor, apoio e cuidados a mim concedidos.

## **AGRADECIMENTOS**

Ao meu orientador Richard de Campos Pacheco, a quem sou grata por toda paciência, compreensão, ajuda e amizade. Agradeço por ser participativo e sempre presente.

Agradeço à Magna e Patrícia por me ajudarem nos cuidados com o Thomas.

Agradeço imensamente à minha amiga irmã, Maerle Maia, pela companhia e bom humor que sempre deixa o dia mais agradável, pela amizade que levarei comigo para Rondônia, por toda e grande ajuda nas análises laboratoriais, que foram indispensáveis para que eu conseguisse realizar o projeto proposto.

Agradeço a Andréia e Rute pelos anos de amizade e convivência, assim como todos os colegas que fiz nos Laboratórios de Parasitologia Veterinária e de Virologia e Rickettsioses, os quais foram fundamentais no meu aprendizado pessoal e profissional.

Agradeço a todos os estagiários que passaram pelo Laboratório de Parasitologia Veterinária e contribuíram com essa pesquisa, em especial ao Edson e Júlia Conte.

Agradeço a todos os funcionários do Hospital Veterinário (HOVET-UFMT), os quais foram fundamentais para o desenvolvimento das atividades realizadas nesta instituição de ensino.

Agradeço ao Professor Rogério Vieira Rossi pela parceria, pelas coletas a campo e identificação dos pequenos mamíferos.

Agradeço ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia pelo apoio a minha pós-graduação através da concessão de dois anos de afastamento total da docência para capacitação.

Agradeço à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de doutorado nos primeiros meses do curso e ao Programa de pós-graduação em Ciências Veterinárias (PPGVET).

Agradeço à Universidade Federal de Mato Grosso pelos conhecimentos que recebi nesses 11 anos de aprendizagem, sendo meu segundo lar.

## RESUMO

Os pequenos mamíferos e seus ectoparasitas participam da cadeia de transmissão de diferentes patógenos, podendo exercer papel de reservatórios e vetores agentes patogênicos que causam doenças. Neste contexto, carrapatos e amostras de tecidos (sangue, baço, fígado e pulmão) de pequenos mamíferos de onze diferentes municípios do Estado de Mato Grosso, Brasil, foram submetidos à extração de DNA e, posteriormente, à Reação em Cadeia pela Polimerase (PCR) com objetivo de amplificar um fragmento de DNA de bactérias do gênero *Bartonella* spp. e *Coxiella burnetii*, protozoários dos gêneros *Hepatozoon* e Ordem Piroplasmorida (gêneros *Babesia* e *Theileria*). Além disso, os carrapatos coletados de pequenos mamíferos terrestres foram submetidos a detecção molecular de *Rickettsia* spp. No total, 5,7, 5,34 e 0,63% das amostras foram positivas para *Bartonella* spp., *Babesia* spp. e *Hepatozoon* spp., respectivamente, em pequenos mamíferos. O total de 72 carrapatos foi identificado e DNA de *Rickettsia amblyommatis* e *Rickettsia bellii* foram detectados em *Amblyomma auricularium*. Relatamos pela primeira vez em Mato Grosso: i. *Bartonella* spp. em morcegos *Lophostoma silvicolum*, *Myotis nigricans*, *Phyllostomus elongatus* e *Pteronotus rubiginosus*, além de um possível novo genótipo de *Bartonella* spp. em *L. silvicolum*; ii. *Neacomys amoenus* infectados com *Hepatozoon* sp.; iii. diferente morfotipo de *Ornithodoros guaporensis*; iv. ocorrência de argasídeo *O. guaporensis* no bioma Cerrado; v. ninfas de *Amblyomma cajennense* sensu stricto e *A. auricularium* parasitando roedores *Thrichomys pachyurus*. Portanto, importantes patógenos circulam em pequenos mamíferos silvestres no Estado de Mato Grosso e também nos carrapatos, sendo algumas espécies descritas pela primeira vez como hospedeiras por meio desse estudo.

**Palavras-chaves:** doenças, vetores, Mato Grosso, roedores, marsupiais, morcegos

## ABSTRACT

Small mammals and their ectoparasites participate in the transmission chain of different pathogens, being able to play the role of reservoirs and vectors of diseases. In this context, ticks and tissue samples (blood, spleen, liver and lung) from small mammals from eleven different municipalities in the State of Mato Grosso, Brazil, were subjected to DNA extraction and, later, to the Polymerase Chain Reaction (PCR) in order to amplify a fragment of DNA from bacteria of the genus *Bartonella* spp. and *Coxiella* sp., protozoa of the genera *Hepatozoon* and Order Piroplasmorida (genera *Babesia* and *Theileria*). In addition, ticks collected from small land mammals were subjected to molecular detection of *Rickettsia* spp. In total, only 5.7, 5.34 and 0.63% of the samples were positive for *Bartonella* spp., *Babesia* spp. and *Hepatozoon* spp., respectively, in small mammals. A total of 72 ticks were identified and DNA from *Rickettsia amblyommatis* and *Rickettsia bellii* were detected in *Amblyomma auricularium*. We report for the first time in Mato Grosso: i. *Bartonella* spp. in bats *Lophostoma silvicolum*, *Myotis nigricans*, *Phyllostomus elongatus* and *Pteronotus rubiginosus*, in addition to a possible new genotype of *Bartonella* spp. in *L. silvicolum*; ii. *Neacomys amoenus* infected with *Hepatozoon* sp.; iii. different morphotype of *Ornithodoros guaporensis*; iv. occurrence of argasid *O. guaporensis* in the Cerrado biome; v. nymphs of *Amblyomma cajennense* sensu stricto and *A. auricularium* parasitizing rodents *Thrichomys pachyurus*. Therefore, important pathogens circulate in small wild mammals in the State of Mato Grosso also in ticks, with some species being described as hosts by this study.

**Key-words:** diseases, vectors, Mato Grosso, rodents, marsupials, bats

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1:** Mapa da área de estudo, destacando os municípios de Alta Floresta (1), Aripuanã (2), Barra do Bugres (3), Barra do Garças (4), Chapada dos Guimarães (5), Cuiabá (6), Diamantino (7), Nova Ubiratã (8), Rosário Oeste (9), Sinop (10) e São José do Rio Claro (11), no Estado de Mato Grosso, Brasil.....28
- Figura 2:** Localização da área de estudo no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Estado de Mato Grosso, Brasil.. .....31
- Figura 3:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene citrato sintase (*gltA*) de sequências parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de Mato Grosso, Brasil.....51
- Figura 4:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene codificador da proteína FtsZ (*ftsZ*) de sequências parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de Mato Grosso, Brasil .....53
- Figura 5:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene codificador da sub-unidade beta da RNA polimerase (*rpoB*) de sequências parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de Mato Grosso, Brasil .....53
- Figura 6:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) e máxima parcimônia para o gene 18S rRNA de sequências parciais de espécies de Piropasmorida provenientes de *T. pachyurus* coletados no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Estado de Mato Grosso, Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.....56
- Figura 7:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) e máxima parcimônia para o gene 18S rRNA de sequências parciais de espécies de *Hepatozoon* sp. provenientes de roedores dos municípios de Barra do Bugres, Cuiabá e Nova Ubiratã, Estado de Mato Grosso, Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado .....57
- Figura 8:** Micrografias ópticas de larvas de *Ornithodoros* sp. coletadas na Barra do Garças. (A) Vista dorsal. (B) Hipostômio. Abreviaturas: Al, cerda anterolateral; Pl, cerda posterolateral .....61
- Figura 9:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para um subconjunto de *Ornithodoros* spp. usando sequências parciais do gene mitocondrial

16S rRNA do carrapato. A posição de *Ornithodoros guaporensis* de Barra do Garças está destacada em negrito. A caixa cinza no fundo indica representantes do grupo *Ornithodoros talaje*. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado .....66

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1:</b> Genes-alvo, oligonucleotídeos e protocolos de amplificação de DNA utilizados nesse estudo.....	35
<b>Tabela 2:</b> Pequenos mamíferos testados pela reação em cadeia da polimerase (PCR) para detecção de <i>Bartonella</i> , <i>Coxiella</i> , <i>Hepatozoon</i> e Piroplasmorida (gêneros <i>Babesia</i> e <i>Theileria</i> ) no presente estudo. NT: tecidos não testados por ausência de amostras.....	42
<b>Tabela 3:</b> Amostras positivas para <i>Bartonella</i> spp. na PCR quantitativo em tempo real (qPCR) com as respectivas estimativas de quantificação inicial do DNA alvo e na caracterização molecular por PCR convencional baseada em diferentes genes.....	48
<b>Tabela 4:</b> Carrapatos (L: larva; N: ninfa) coletados nos pequenos mamíferos terrestres (roedores e marsupiais) capturados no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Mato Grosso, Brasil.....	59
<b>Tabela 5:</b> Comparação morfológica e morfométrica (mm) das duas larvas coletadas nesse estudo (CNC-4168) com valores de medidas descritas por Nava et al. (2013) para <i>Ornithodoros guaporensis</i> coletados na Bolívia e por Muñoz-Leal et al. (2020) para <i>Ornithodoros cerradoensis</i> (morfologicamente próximo).....	62
<b>Tabela 6:</b> Resultados positivos para detecção molecular de <i>Rickettsia</i> em ninfas de <i>Amblyomma auricularium</i> coletadas em pequenos mamíferos (roedores e marsupiais) no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Mato Grosso, Brasil.....	65

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>13</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA .....</b>	<b>15</b>
2.1 <i>Bartonella</i> spp. ....	15
2.2 <i>Coxiella burnetii</i> .....	17
2.3 <i>Rickettsia</i> spp. ....	19
2.4 Ordem Piroplasmorida .....	21
2.5 <i>Hepatozoon</i> spp. ....	23
<b>3 OBJETIVOS.....</b>	<b>26</b>
3.1 Objetivo Geral .....	26
3.2 Objetivos Específicos .....	26
<b>4 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>27</b>
4.1 Autorizações para pesquisa .....	27
4.2 Área de estudo .....	27
4.2.1 Pesquisa de <i>Bartonella</i> spp.....	27
4.2.2 Pesquisa de <i>Coxiella burnetii</i> .....	27
4.2.3 Pesquisa da Ordem Piroplasmorida e Gênero <i>Hepatozoon</i> .....	27
4.2.4 Pesquisa de carrapatos e <i>Rickettsia</i> spp. relacionados a pequenos mamíferos .....	28
4.3 Captura dos mamíferos e obtenção das amostras.....	29
4.3.1 Alta Floresta, Diamantino, São José do Rio Claro .....	29
4.3.2 Aripuanã, Barra do Bugres, Chapada dos Guimarães, Cuiabá, Nova Ubiratã e Rosário Oeste .....	29
4.3.3 Barra do Garças .....	30
4.3.4 Cláudia e Sinop .....	331
4.4 Identificação dos pequenos mamíferos.....	<b>Erro! Indicador não definido.</b> 32
4.5 Identificação morfológica dos carrapatos .....	372
4.6 Extração de Ácido Nucléico.....	372
4.7 Amplificação de DNA .....	373
4.8 Purificação e sequenciamento genético.....	37
4.9 Análise filogenética .....	37

4.9.1 <i>Bartonella</i> spp. ....	37
4.9.2 <i>Hepatozoon</i> spp. e <i>Babesia</i> sp.....	378
4.9.3 <i>Ornithodoros</i> spp. ....	378
<b>5 RESULTADOS.....</b>	<b>40</b>
5.1 Pequenos mamíferos .....	40
5.1.1 Pequenos mamíferos terrestres .....	40
5.1.2 Pequenos mamíferos voadores.....	41
5.2 Análise molecular dos tecidos .....	46
5.3 Análise filogenética dos agentes encontrados nos tecidos .....	49
5.3.1 <i>Bartonella</i> spp. ....	49
5.3.2 <i>Hepatozoon</i> e Ordem Piroplasmorida .....	55
5.4 Carrapatos.....	58
5.4.1 Parasitismo.....	58
5.4.2 Análise morfológica .....	60
5.4.3 Análise molecular .....	64
<b>6 DISCUSSÃO .....</b>	<b>67</b>
6.1 <i>Bartonella</i> spp. ....	67
6.2 <i>Coxiella burnetii</i> .....	69
6.3 <i>Babesia</i> spp. e <i>Hepatozoon</i> spp.....	70
6.4 Carrapatos.....	73
<b>7 CONCLUSÃO .....</b>	<b>77</b>

## 1 1 INTRODUÇÃO

2

3 Mato Grosso é o terceiro maior estado do Brasil, localizado na região Centro-  
4 Oeste, composto por três diferentes biomas: Amazônia, Cerrado e Pantanal, que  
5 juntamente com 394.421 km<sup>2</sup> de área de transição entre esses biomas, totalizam os  
6 903.357 km<sup>2</sup> de extensão territorial (IBGE, 2019).

7 Em sua grande biodiversidade, destaca-se a abundância faunística de  
8 mamíferos, com pelo menos 267 espécies registradas, representando 36,98% do  
9 total de 722 espécies de mamíferos conhecidas no país. Mais numerosos, os  
10 pequenos mamíferos possuem descrição de um total de 99 espécies da ordem  
11 Chiroptera, 31 espécies da ordem Didelphimorphia e 66 espécies da ordem  
12 Rodentia (BRANDÃO et al., 2019).

13 Diante da diversidade de espécies de pequenos mamíferos em Mato Grosso,  
14 com distintos comportamentos e hábitos alimentares, observa-se a distribuição em  
15 diferentes habitats, incluindo áreas ocupadas por humanos (FAO, 2011; PAGLIA et  
16 al., 2012; IKEDA et al., 2017). Esses aspectos oportunizam e possibilitam que os  
17 animais sejam hospedeiros naturais de ectoparasitas e patógenos relacionados,  
18 atuando como importantes reservatórios que contribuem para a manutenção e  
19 disseminação de doenças na natureza.

20 Dentre os ectoparasitas, mais de 30 espécies de carrapatos dos gêneros  
21 *Ixodes*, *Amblyomma* e *Ornithodoros* foram descritos no estado de Mato Grosso  
22 (ARAGÃO, 1936; SARAIVA et al. 2012; MARTINS et al., 2016a; WITTER et al.,  
23 2016; WOLF et al., 2016; COLLE et al., 2019). Em relação aos patógenos  
24 zoonóticos relacionados aos pequenos mamíferos terrestres e cuja transmissão está  
25 relacionada aos carrapatos destacam-se *Coxiella burnetii*, responsável pela febre Q  
26 (FERREIRA et al., 2018); *Bartonella henselae*, causadora da doença da arranhadura  
27 do gato (HELAN et al., 2018); *Borrelia burgdorferi*, pela borreliose (MONTANDON et  
28 al., 2014); *Rickettsia rickettsii*, agente etiológico da Febre Maculosa Brasileira (FMB)  
29 (MINNIEAR et al., 2009) e *Rickettsia parkeri* cepa Mata Atlântica, responsável por  
30 causar uma riquetsiose mais branda (PAIXÃO SEVÁ et al., 2019).

31 Quanto aos morcegos, Corrêa et al. (2013) observaram que em pelo menos  
32 sete famílias no Brasil foram relatadas espécies com potencial zoonótico, seja de  
33 causa parasitária, bacteriana, fúngica ou viral. Nesse sentido, mesmo com a  
34 aparente vantagem relacionada à capacidade de voar, grande parte das espécies

35 vivem em grandes colônias (REIS et al., 2013) e estudos recentes relatam a  
36 presença de agentes zoonóticos relacionados aos quirópteros (JESUS et al., 2017;  
37 FERREIRA et al., 2018).

38 Nesse sentido, o desenvolvimento econômico e crescimento desordenado  
39 das cidades, aliados à expansão agrícola, pressionam os animais a uma  
40 aclimação em novos ambientes, como áreas urbanas (PACHECO et al., 2010) e  
41 peri-urbanas. Em consequência dessa aproximação dos humanos, aumenta-se a  
42 necessidade de conhecer e monitorar as doenças que circulam nesses ambientes.

43 Assim, a carência de estudos voltados para os pequenos animais silvestres  
44 como indicadores da ocorrência e dispersão de doenças no estado, aliada ao pouco  
45 conhecimento do impacto em saúde pública, contribui para a necessidade de  
46 pesquisas aplicadas aos animais silvestres da fauna local. Diante desse exposto, o  
47 presente estudo buscou investigar a ocorrência de agentes infecciosos em  
48 pequenos mamíferos e em seus carrapatos, além de identificar a diversidade de  
49 parasitismo destes artrópodes nos animais amostrados no estado de Mato Grosso,  
50 Brasil.

51

52

53

54

55

56

57

58

59

60

61

62

63

64

65

66

67

68

69

70

71

72

73

74

## 75 2 REVISÃO DE LITERATURA

76

### 77 2.1 *Bartonella* spp.

78

79 O gênero *Bartonella* é composto por cerca de 45 espécies ou subespécies  
80 (MULLINS et al., 2017; SOUSA et al., 2018; GONÇALVES DE OLIVEIRA et al.,  
81 2020). São alfa-proteobactérias, Gram-negativas, intracelulares facultativas que  
82 parasitam eritrócitos e células endoteliais de diversos mamíferos, como canídeos,  
83 felídeos, roedores, quirópteros, ruminantes e xenartras (DENG et al., 2012;  
84 FAVACHO et al., 2015; IKEDA et al., 2017; CALCHI et al., 2020).

85 As bactérias deste gênero são transmitidas, principalmente, por contato  
86 direto, como arranhões e mordidas de animais, ou por ectoparasitas sugadores,  
87 como moscas, pulgas, piolhos, carrapatos e mosquitos (VELHO, 2001; DENG et al.,  
88 2012; MADA et al., 2020). As espécies mais comumente relacionadas à doença em  
89 humanos são *Bartonella henselae*, *Bartonella bacilliformis* e *Bartonella quintana*  
90 (MADA et al., 2020). *B. henselae* é conhecida como doença da arranhadura do gato  
91 e a *B. bacilliformis* é o agente etiológico da doença de Carrión, que no passado  
92 era denominada febre de Oroya (fase febril) e verruga peruana (fase tecidual). Por  
93 último, a *B. quintana* está associada à febre das trincheiras (CHOMEL et al., 1996;  
94 MADA et al., 2020).

95 Os mamíferos silvestres são importantes hospedeiros já identificados  
96 infectados por *Bartonella* spp. No Brasil tem sido descrito canídeos silvestres como  
97 *Cerdocyon thous* (cachorro-do-mato) infectado por *Bartonella rochalimae*  
98 (FONTALVO et al., 2017), felídeos como *Leopardus wiedii* (gato-maracajá) por  
99 *Bartonella* sp. próxima à *Bartonella koehlerae* (FILONI et al., 2012), xenartras  
100 *Euphractus sexcinctus* (tatu-peba) e *Tamandua tetradactyla* (tamanduá-mirim) por  
101 *Candidatus Bartonella washoensis* subsp. *brasiliensis* (CALCHI et al., 2020).

102 Em relação aos pequenos mamíferos, pelo menos 22 espécies conhecidas de  
103 *Bartonella* foram relatadas em roedores, incluindo espécies relacionadas à infecção  
104 em humanos, como *Bartonella elizabethae*, *Bartonella tribocorum*, *B. rochalimae*,  
105 *Bartonella grahami*, *Bartonella washoensis*, *Bartonella doshiae* e *Bartonella vinsonii*  
106 subsp. *arupensis* (BUFFET et al., 2013; FAVACHO et al., 2015; GONÇALVES et al.,  
107 2016). Ressalta-se que a *B. elizabethae* pode provocar endocardite e as espécies *B.*  
108 *tribocorum*, *B. vinsonii* subsp. *arupensis* e *B. washoensis*, sintomas como dores

109 musculares e articulares, endocardite e até sinais neurológicos (ARVAND et al.,  
110 2001; ANDERSEN-NISSEN et al., 2005). Alerta-se diante da patogenicidade e  
111 possibilidade de infecção em humanos, principalmente em locais com maior  
112 proximidade de pessoas com esses animais, que a ocorrência da bactéria em  
113 roedores é muito frequente, além do que se pensava (GONÇALVES et al., 2016).

114 No Brasil, mais de 25 espécies de roedores já foram descritas infectadas por  
115 alguma espécie de *Bartonella* nos cinco biomas (COSTA et al., 2014; FAVACHO et  
116 al., 2015; GONÇALVES et al., 2016; ROZENTAL et al., 2017; SOUSA et al., 2018a;  
117 GONÇALVES et al., 2020; GONÇALVES DE OLIVEIRA et al., 2020).

118 Um mesmo genótipo próximo ao complexo de espécie *Bartonella vinsonii* da  
119 América do Norte parece predominar entre os roedores do Brasil, uma vez que já foi  
120 detectado na Bahia, Ceará, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul,  
121 Minas Gerais, Pará, Pernambuco, Piauí, Rio de Janeiro, Santa Catarina, São Paulo  
122 e Tocantins (GONÇALVES et al., 2016). Além disso, *Bartonella queenslandensis* e *B.*  
123 *tribocorum* foram também registradas em roedor sinatropical *Rattus norvegicus*  
124 (COSTA et al., 2014) e recentemente *Bartonella coopersplainsensis* foi descrita em  
125 *Rattus rattus* em Mato Grosso do Sul (GONÇALVES et al., 2020). Por fim, a  
126 detecção de genótipo próximo a *B. vinsonii* subsp. *arupensis* identificada em Mato  
127 Grosso do Sul (FAVACHO et al., 2015) demonstra que os roedores no Brasil são  
128 possíveis hospedeiros de *Bartonella* spp., potencialmente zoonótica. Quanto aos  
129 marsupiais, os estudos no país são mais escassos e DNA de *Bartonella* spp. ainda  
130 não foi detectado nesse grupo animal (FONTALVO et al., 2017; SOUSA et al., 2018;  
131 GONÇALVES et al., 2020).

132 *Bartonella* spp. tem sido relatada também em ectoparasitas relacionados a  
133 animais silvestres no país, como em pulgas *Ctenocephalides felis* coletadas em  
134 *Cerdocyon thous* (cachorro-do-mato) (SCHOTT et al., 2019) e um mesmo genótipo  
135 de *Bartonella* foi detectado em roedor *Oecomys mamorae* e pulga *Polygenis*  
136 (*Polygenis*) *bohlsi bohlsi* (SOUSA et al., 2018). Nesse cenário, para estudos em  
137 morcegos, moscas têm sido alvo frequente de pesquisas, sendo inclusive, mais  
138 propensas a testarem positivo na PCR para DNA de *Bartonella* do que os próprios  
139 morcegos (STUCKEY et al., 2017a). Representam um grupo de ectoparasita  
140 bastante diverso e com as sequências de *Bartonella* descritas a partir dessas  
141 moscas, é possível se alcançar um melhor entendimento epidemiológico da

142 evolução, grau de adaptação entre esses organismos (hospedeiro-patógeno),  
143 manutenção e transmissão do agente.

144 Sobre a infecção de agente nos quirópteros, foram encontrados infectados  
145 espécimes das famílias Phyllostomidae e Natalidae (IKEDA et al., 2017; FERREIRA  
146 et al., 2018; ANDRÉ et al., 2019; GONÇALVES DE OLIVEIRA et al., 2020). No  
147 Brasil, Ikeda et al (2017) relataram que *Bartonella* spp. identificadas em morcegos  
148 no Estado do Pará, Paraná e Tocantins são próximas as espécies encontradas em  
149 pequenos mamíferos (morcegos e roedores) da América Latina. Já Amaral et al.  
150 (2018) ao estudarem moscas da família Streblidae coletadas em quirópteros,  
151 identificaram diferentes genótipos de *Bartonella* e estes por sua vez, mostraram-se  
152 próximos a genótipos de ruminantes no continente Europeu além de, aos genótipos  
153 já encontrados em morcegos e roedores, evidenciando que *Bartonella* spp. podem  
154 circular entre diferentes espécies.

155 No estado de Mato Grosso, até o momento, apenas a espécie *Desmodus*  
156 *rotundus* foi relatada como hospedeira de *Bartonella* sp. (ANDRÉ et al., 2019). O  
157 morcego *D. rotundus* tem particularmente sua ocorrência associada à presença de  
158 bovinos devida sua hematofagia (HOLMES et al., 2002) e o rebanho bovino do  
159 estado de Mato Grosso é de aproximadamente 30 milhões de animais (ABIEC,  
160 2019). Assim, uma vez que o gado é fonte abundante de alimento para essa espécie  
161 hospedeira, é evidente a necessidade de maior monitoramento da circulação de  
162 *Bartonella* spp.

163

## 164 **2.2 *Coxiella burnetii***

165

166 O gênero *Coxiella* é composto por uma única espécie, *Coxiella burnetii*, uma  
167 bactéria gram-negativa intracelular obrigatória responsável pela importante zoonose  
168 emergente conhecida como febre Q em humanos e coxielose em animais  
169 (DAMASCENO e GUERRA, 2018). A espécie *Coxiella burnetii* tem sido  
170 negligenciada em ambiente silvestres mesmo com evidências de que estes animais  
171 podem atuar como reservatórios da bactéria para os humanos e para outros  
172 animais, como os bovinos (GONZÁLEZ-BARRIO e RUIZ-FONS, 2018). De acordo  
173 com González-Barrío et al. (2016a), os pequenos mamíferos, por serem abundantes,  
174 amplamente distribuídos, gregários e por viverem em ambientes humanizados são  
175 mais propensos a serem importantes reservatórios de *C. burnetii*. No Brasil, a

176 confirmação molecular da infecção de roedores e morcegos por *C. burnetti* foi  
177 registrada, evidenciando a participação dos pequenos mamíferos em mais uma  
178 doença zoonótica no país (ROZENTAL et al., 2017; FERREIRA et al., 2018).

179 Em humanos infectados por *C. burnetii* nota-se um período de incubação de 2  
180 a 6 semanas e com relação ao quadro clínico observado na febre Q, sabe-se que os  
181 sintomas são inespecíficos, incluindo dores musculares e articulares, fadiga, tosse e  
182 quadros febris. Entretanto, em pacientes imunossuprimidos, a doença pode se  
183 agravar e provocar pneumonia, partos prematuros ou abortamentos em gestantes,  
184 endocardites, fibrose pulmonar e até óbito (BORRIELO e GALLIERO, 2012;  
185 DAMASCENO e GUERRA, 2018; NEUPANE e KASWAN, 2020).

186 Já no animais, os sinais reprodutivos são os mais graves, principalmente nos  
187 pequenos ruminantes, com abortamentos e menor produção leiteira (CANEVARI et  
188 al., 2018). Na região Nordeste, Oliveira et al. (2018) registraram um surto de  
189 abortamentos causado por *C. burnetii* em caprinos, ademais, outros estudos no país  
190 confirmam a exposição de pequenos ruminantes à essa bactéria (MARES-GUIA et  
191 al., 2014, SOUZA et al., 2018).

192 Carrapatos dos gêneros *Ixodes*, *Rhipicephalus*, *Amblyomma*, *Dermacentor* e  
193 *Ornithodoros* são reservatórios da *C. burnetii* (PAROLA e RAOULT, 2001;  
194 ROZENTAL et al., 2012). Além disso, pode ser eliminada nas secreções corporais  
195 como urina, fezes, muco vaginal, sêmen, restos placentários e leite (RODOLAKIS et  
196 al., 2007, ROZENTAL et al., 2018, DAMASCENO e GUERRA, 2018) sendo  
197 transmitidas para humanos principalmente pela inalação de aerossóis e via oral  
198 (ELDIN et al., 2017). Nesse contexto, pesquisas alertam a população para o risco de  
199 transmissão desse patógeno zoonótico através do consumo humano de produtos de  
200 leite de vaca crú (MIONI et al., 2019; ROZENTAL et al., 2020). Ainda, genótipos de  
201 *C. burnetii* previamente descritos em animais silvestres foram detectados em  
202 bovinos, confirmando que a interação desses animais domésticos com a fauna  
203 silvestre favorece a disseminação da bactéria (GONZÁLEZ-BARRIO et al., 2016b).

204

205

206

207

208 **2.3 Rickettsia spp.**

209

210 O gênero *Rickettsia* é composto por bactérias gram-negativas e intracelulares  
211 obrigatórias (DUMLER et al., 2001). São 27 espécies distintas, com  
212 aproximadamente 17 delas são consideradas patogênicas aos animais e aos seres  
213 humanos (FANG, 2017).

214 Algumas espécies de *Rickettsia* são zoonóticas e podem ser transmitidas por  
215 artrópodes (PAROLA et al., 2005). No Brasil, as espécies com patogenicidade em  
216 humanos já descritas são a *Rickettsia rickettsii* e *Rickettsia parkeri* cepa Mata  
217 Atlântica (PINTER e LABRUNA, 2006; SPOLIDORIO et al., 2010; SILVA et al., 2011;  
218 KRAWCZAK et al., 2016; DA PAIXÃO SEVÁ et al., 2019).

219 Análises filogenéticas dividiram as espécies de *Rickettsia* em cinco grupos.  
220 Dois deles contemplam as espécies patogênicas, causadoras de rickettsioses, são  
221 eles o grupo do tifo (GT), com bactérias transmitidas principalmente por pulgas e  
222 piolhos (*Rickettsia prowazekii* e *Rickettsia typhi*) e o grupo da febre maculosa (GFM),  
223 representado por mais de 25 espécies transmitidas por carrapatos e outros ácaros  
224 (FENOLLA et al., 2007; WEINERT et al., 2009; FANG, 2017). Os outros três grupos  
225 são: o grupo de transição (GT) formado pela *Rickettsia acari*, *Rickettsia felis* e  
226 *Rickettsia australis*, o grupo canadenses (GC), com a *Rickettsia canadensis* e afins e  
227 o grupo bellii (GB), representado principalmente pela *Rickettsia bellii* (WEINERT et  
228 al., 2009).

229 Entre as espécies do gênero *Rickettsia*, *R. bellii* é a espécie já descrita com  
230 maior diversidade de espécies de carrapatos infectadas e também com maior  
231 distribuição. Por sua vez, isolados de *R. bellii* parecem ter co-evoluído com seus  
232 vetores (KRAWCZAK et al., 2018a).

233 As espécies do GFM apresentam a mesma faixa de distribuição geográfica  
234 conforme seus principais vetores, os carrapatos (PAROLLA, 2011). Entre elas, a *R.*  
235 *rickettsii* se destaca por ser o agente infeccioso mais letal, uma vez que é  
236 responsável pela febre maculosa, considerada uma das doenças mais importantes  
237 entre as transmitidas por carrapatos, visto as altas taxas de mortalidade (MINNIEAR  
238 et al., 2009).

239 Entre as espécies já descritas no país (e grupos correspondentes), estão *R.*  
240 *rickettsii*, *R. parkeri*, *Rickettsia amblyommatis*, *Rickettsia rhipicephali*, ‘*Candidatus*  
241 *Rickettsia andeanae*’, ‘*Candidatus Rickettsia paranaensis*’ cepa Ibitipoca and  
242 ‘*Candidatus Rickettsia wissemani*’ (GFM); *Rickettsia felis*, and *Rickettsia*  
243 *asembonensis* (GTR); *Rickettsia typhi* (GT); *Rickettsia bellii* (GB); e *Rickettsia*

244 *monteiroi* (GC) (PAROLA et al. 2013; DALL'AGNOL et al. 2017; LUZ et al. 2019;  
245 PECKLE et al., 2019; RAMIREZ et al., 2020).

246 A respeito do papel dos pequenos mamíferos como hospedeiros silvestres de  
247 *Rickettsia* no país, pesquisas sorológicas em quirópteros evidenciaram exposição  
248 desses animais às espécies *R. rickettsii*, *R. parkeri*, *R. amblyommatidis* (outrora  
249 *Rickettsia amblyommi*) e *R. rhipicephali* em São Paulo (D'AURIA et al., 2010).  
250 Ademais, DNA de 'Ca. *R. andaenae*', espécie de patogenicidade desconhecida, foi  
251 identificado em moscas Streblidae coletadas de morcegos no Rio de Janeiro  
252 (AMARAL et al., 2018).

253 Quanto aos pequenos mamíferos terrestres, marsupiais e roedores  
254 mostraram soroconversão para diferentes espécies de *Rickettsia* (*R. rickettsii*, *R.*  
255 *bellii*, *R. parkeri*, *R. rhipicephali* e *R. amblyommatidis*) em estudos realizados em  
256 Minas Gerais, São Paulo e Pernambuco (HORTA et al., 2007; OGRZEWALSKA et  
257 al., 2012; DANTAS-TORRES et al., 2012; SZABÓ et al., 2013; COELHO et al.,  
258 2016). Nesse sentido, o rato-do-arroz (*Euryoryzomys russatus*), em condições  
259 naturais, pode atuar como hospedeiro amplificador de *R. parkeri* cepa Mata Atlântica  
260 para carrapatos da espécie *A. ovale* (KRAWCZAK e LABRUNA, 2018). Além disso,  
261 Cordeiro et al. (2019) sugeriram que marsupiais da espécie *Monodelphis domestica*  
262 sejam possíveis amplificadores de *R. parkeri*. Já a espécie *Didelphis aurita*  
263 (Didelphimorphia: Didelphidae) é reconhecida como hospedeiro amplificador de *R.*  
264 *rickettsii* (HORTA et al., 2009).

265 Baseados em estudos moleculares em Mato Grosso, recentemente, Colle et  
266 al. (2019) relataram a espécie *R. amblyommatidis* em carrapatos *Amblyomma*  
267 *cajennense* sensu stricto (s.s), *Amblyomma coelebs* e *Amblyomma sculpturatum*  
268 coletados em pequenos mamíferos não voadores. Entre as espécies do gênero  
269 *Rickettsia*, *R. amblyommatidis* já tinham sido também detectadas em *Amblyomma*  
270 *auricularium*, além da *R. rhipicephali* em carrapato *Haemaphysalys juxtakochi* e *R.*  
271 *monteiroi* em *Amblyomma naponense* no extremo norte do estado de Mato Grosso  
272 (SOARES et al., 2015) e *R. amblyommatidis* em *Amblyomma cajennense* senso latu  
273 (s.l.) e *Amblyomma nodosum* no Pantanal (ALVES et al., 2014; LOPES et al., 2014;  
274 RAMOS et al., 2015). Além de *R. parkeri* cepa NOD em *Amblyomma nodosum* e 'Ca  
275 *R. andeanae*' infectando *A. sculptum* por Witter et al. (2016), *R. parkeri* em  
276 *Amblyomma longirostre* (RAMOS et al., 2015), *R. bellii* em *A. cajennense* senso latu  
277 (s.l.) foram registradas no Estado (LOPES et al., 2014).

278 Ademais, apesar da patogenicidade não ser confirmada para *R.*  
279 *amblyommatis* e essa bactéria já ter sido descrita em carrapatos em Mato Grosso  
280 (ALVES, et al., 2014; SOARES et al., 2015; COLLE et al., 2019), carrapatos *A.*  
281 *auricularium* naturalmente infectados transmitiram laboratorialmente *R.*  
282 *amblyommatis* para coelhos (SARAIVA et al., 2013). Além disso, existem evidências  
283 sorológicas de que *R. amblyommatis* poderia ser responsável por casos de febre  
284 maculosa, ainda que nos Estados Unidos (APPERSON et al., 2008; DELISLE et al.,  
285 2016).

286 No Pantanal de Mato Grosso a partir de carrapatos da espécie *Amblyomma*  
287 *triste*, a bactéria *R. parkeri* foi isolada em cultivo celular (MELO et al., 2015), sendo  
288 *R. parkeri* cepa da Mata Atlântica, é conhecida no país por causar doença aguda  
289 com quadro febril, erupção cutânea, escara de inoculação e linfadenopatia nos  
290 humanos (PADDOCK et al. 2016). Somam-se também, os relatos de Bezerra et al.  
291 (2017) de pacientes humanos previamente diagnosticados com doenças virais  
292 (dengue ou febre amarela) que tiveram soroconversão para *R. amblyommatis*, *R.*  
293 *rickettsii* e *R. parkeri* ou genótipos relacionados no estado, mais uma vez mostrando  
294 a necessidade de conscientização da população quanto aos riscos e medidas  
295 preventivas das doenças transmitidas por artrópodes.

296

#### 297 **2.4 Ordem Piroplasmorida**

298

299 A ordem Piroplasmorida inclui os gêneros de parasitos intracelulares, como  
300 *Babesia*, *Rangelia*, *Theileria* e *Cytauxzoon* (YABSLEY e SHOQUE, 2013. VOTYPKA  
301 et al., 2017). Esses organismos apresentam multiplicação assexuada nos eritrócitos  
302 dos hospedeiros vertebrados e multiplicação sexuada com formação de  
303 esporozoítos nos vetores invertebrados, os carrapatos. Esses protozoários são  
304 transmitidos para os hospedeiros vertebrados exclusivamente por carrapatos  
305 ixodídeos (HOMER et al., 2000; VOTYPKA et al., 2017), que transmitem  
306 esporozoítos pela saliva durante o seu repasto sanguíneo (JALOVECKA, 2018).

307 Frente à particularidades no ciclo de vida e desenvolvimento observados em  
308 tantas espécies descritas, a ordem Piroplasmorida é reconhecida por ter cinco  
309 linhagens evolutivas: *Babesia* sensu stricto (s.s), grupo *Babesia microti*, grupo  
310 *Babesia* Ocidental, *Theileria* sensu stricto e *Theileria equi* (SCHREEG et al., 2016).  
311 Dessas, dois maiores grupos são comumente considerados: *Babesia* s.s. e *Babesia*

312 sensu lato (s.l.) (VANNIER e KRAUSE, 2012). A primeira representa um grupo  
313 monofilético de organismos que são transmitidos transovariamente nos carrapatos e  
314 infectam apenas eritrócitos, enquanto *Babesia* s.l. inclui pelo menos dois subgrupos,  
315 o grupo *Microti* (complexo *Babesia microti*) e o grupo Ocidental (organismos  
316 identificados no Ocidente Estados Unidos) (YOUNG et al., 2019).

317 Os humanos podem ser hospedeiros acidentais de *Babesia* e casos da  
318 doença clínica têm sido descritos em muitos países (YABSLEY e SHOCK, 2013;  
319 VANNIER et al., 2015). As espécies zoonóticas de *Babesia* são transmitidas por  
320 carrapatos do gênero *Ixodes* e requerem um reservatório mamífero para completar  
321 seu ciclo de vida. A infecção costuma ser assintomática ou a doença é autolimitada  
322 em pessoas saudáveis, com sintomas brandos de febre, cefaleia, náusea e falta de  
323 ar (HOMER et al. 2000; YOUNG et al., 2019).

324 No Brasil, destacam-se as espécies *Babesia caballi* e *Theileria equi* nos  
325 equinos, entretanto, uma anta sul-americana (*Tapirus terrestris*) naturalmente  
326 infectada por *Theileria equi* em Mato Grosso do Sul já foi descrita (DA SILVEIRA et  
327 al., 2017). Tais protozoário citados anteriormente são responsáveis pela  
328 piroplasmose equina, considerada uma das principais doenças parasitárias,  
329 provocando prejuízos diretos (perda de desempenho e mortalidade) e indiretos  
330 (ameaça à indústria equina) à saúde animal (NOGUEIRA et al., 2005, 2017).

331 Em cães, apesar dos relatos de *Rangelia vitalii* (GOTTLIEB et al., 2016) e  
332 *Babesia gibsoni* (TRAPP et al., 2016), a principal espécie infectando esses animais é  
333 *Babesia vogeli* (Rotondano et al., 2015; MAIA et al., 2019), transmitida pelo *R.*  
334 *sanguineus* s.l. (DANTAS-TORRES, 2008).

335 As espécies *Babesia bovis* e *Babesia bigemina* são transmitidas pelo  
336 carrapato *Rhipicephalus microplus* e causam a babesiose bovina no Brasil  
337 (MENDES et al., 2019). Nesses animais, a infecção pode persistir em baixos níveis  
338 de parasitemia, tornando-os portadores desses protozoários por até 22 meses para  
339 *B. bigemina* (FIGUEROA et al., 1996) e toda a vida para *B. bovis* (GOFF et al.,  
340 2008), o que aumenta as chances de transmissão do protozoário para os carrapatos  
341 durante o respasto sanguíneo.

342 No Brasil, especialmente em Mato grosso devido à grande atividade pecuária,  
343 a doença chama a atenção pela ameaça à produtividade com consequentes perdas  
344 econômicas relacionadas à redução na produtividade do rebanho. Tal situação é

345 ainda mais grave em áreas de instabilidade enzoótica (TRINDADE et al.2010; GRISI  
346 et al. 2014; MENDES et al., 2019).

347 Animais silvestres tem sido registrados com infecções por diferentes  
348 piroplasmídeos, como quati (*Nasua nasua*) por *Theileria* sp., jaguatirica (*Leopardus*  
349 *pardalis*) com *Cytauxzoon felis* (SOUSA et al., 2018b), lobo-guará (*Chrysocyon*  
350 *brachyurus*) por *R. vitalii* (SILVEIRA et al., 2016), gambás (*Didelphis marsupialis*) por  
351 *Babesia* sp. (COLLE et al., 2019b), entre outros.

352 Algumas espécies previamente conhecidas por parasitar determinados grupos  
353 de animais, foram relatadas em hospedeiros pouco frequentes, como *B. caballi* e *T.*  
354 *equi*, causadores da piroplasmose equina, encontradas infectando cachorro do mato  
355 (*C. thous*) e roedor (*T. fosteri*), respectivamente (SOUSA et al., 2018b). Além de um  
356 espécime do roedor *T. fosteri* infectado por *B. vogeli* (SOUSA et al., 2018b),  
357 piroplasmídeo conhecido por infectar cães (MAIA et al., 2019). Perante o exposto, é  
358 possível que as espécies de piroplasma tenham pouca especificidade hospedeira e  
359 acaba por deixar questionamentos sobre a transmissão desses protozoários em  
360 habitats compartilhados entre animais domésticos e selvagens (SOUSA et al.,  
361 2018b).

362 Embora esses organismos, sobretudo *Babesia* spp., representem riscos para  
363 animais e humanos a nível mundial, são poucas as informações sobre epidemiologia  
364 e ciclo biológico, principalmente diante das numerosas espécies recentemente  
365 descritas (JALOVECKA et al., 2018).

366

## 367 **2.5 Hepatozoon spp.**

368

369 O gênero *Hepatozoon* é composto por protozoários classificados no filo  
370 Apicomplexa que parasitam uma ampla gama de vertebrados, anfíbios a mamíferos  
371 (SMITH, 1996; BANETH 2011) e artrópodes como carrapatos, mosquitos, pulgas,  
372 triatomíneos, moscas tsé-tsé e piolhos picadores-sugadores (MODRÝ et al., 2017),  
373 alternando o ciclo de vida entre hospedeiros intermediários vertebrados e  
374 hospedeiros definitivos invertebrados (BANETH et al., 2007). A transmissão do  
375 protozoário para os animais ocorre frequentemente por ingestão do artrópode  
376 hematófago infectado. Entretanto, a transmissão transplacentária ou via predação de  
377 vertebrados infectados também podem ocorrer (JOHNSON et al. 2007; BANETH et  
378 al. 2013).

379 A espécie mais comumente descrita no Brasil é o *Hepatozoon canis*, agente  
380 etiológico da hepatozoonose em canídeos. Estudos no Brasil mostram que *H. canis*  
381 está amplamente distribuído no país, porém a infecção parecer ser maior em área  
382 rurais (O'DWYER, 2011; MIRANDA et al.; 2014, MELO et al., 2016), o que justifica o  
383 livre acesso de cães à floresta e o compartilhamento de um mesmo ambiente com  
384 diferentes animais silvestres e domésticos (MIRANDA et al., 2014). Ademais, outras  
385 espécies silvestres, como no graxaim-do-campo (*Lycalopex gymnocercus*) (SILVA et  
386 al., 2018a), quati (ESTEVAM et al., 2020), capivara (*Hydrochoerus hydrochaeris*) e  
387 cateto (*Pecari tajacu*) (GOMES et al., 2018) já foram descritas na literatura.

388 O carrapato *Rhipicephalus sanguineus* sensu lato (s.l.) é reconhecido por  
389 transmitir *H. canis* para canídeos, porém, Demoner et al. (2011) mostraram que  
390 outra espécie de carrapato pode estar envolvida na transmissão do protozoário,  
391 como o carrapato *Amblyomma ovale*. Além disso, mesmo sem competência vetorial  
392 comprovada, *H. canis* também têm sido encontrado em *Amblyomma fuscum*  
393 (BLANCO et al., 2017), *Amblyomma sculptum* (MELO et al., 2016), *Rhipicephalus*  
394 (*Boophilus*) *microplus* (MIRANDA et al., 2011).

395 Nos cinco biomas do país, Perles et al. (2019a) mostraram que mesmo  
396 encontrando considerável diversidade de haplótipos de *Hepatozoon* nos roedores,  
397 nenhum animal estava infectado com *H. canis* ou espécie relacionada. As  
398 sequências de *Hepatozoon* spp. obtidas se agruparam com outras sequências de  
399 *Hepatozoon* spp. de roedores e répteis em um clado à parte das sequências de  
400 *Hepatozoon* de carnívoros, confirmando que roedores não são reservatórios de *H.*  
401 *canis* no país ou que pelo menos, tem baixa importância na transmissão do  
402 protozoário para os carnívoros. Diante do exposto, é possível que os roedores sejam  
403 hospedeiros intermediários ou também hospedeiros paratênicos nas infecções por  
404 *Hepatozoon* spp. em répteis (PERLES et al., 2019), uma vez que cistos  
405 monozoicos foram observados nos tecidos dos roedores (*Akodon* sp.). Tem-se  
406 sugerido que a transmissão do *Hepatozoon* sp. para o hospedeiro vertebrado  
407 intermediário também ocorre de forma alternativa, não apenas pela ingestão de  
408 cistos esporulados presentes no artrópode (hospedeiro invertebrado definitivo),  
409 mas também pela predação dos hospedeiros paratênicos com cistozoítos  
410 (DEMONER et al., 2016). Ainda, DNA de *Hepatozoon* spp., foi detectado nos  
411 pequenos roedores *Akodon* sp., *Calomys callosus*, *Cerradomys akroai*, *Cerradomys*  
412 *marinhus*, *Cerradomys scotti*, *Galea spixii*, *Gracilinanus agilis*, *Hylaeamys*

413 *megacephalus*, *Oecomys marmorae*, *Oligoryzomys nigripes*, *Oligoryzomys*  
414 *flavescens*, *Mus musculus*, *Proechimys roberti*, *P. cuvieri*, *Rattus rattus*, *Thrichomys*  
415 *fosteri* e *Wiedomys cerradensis*) (DEMONER et al. 2016; WOLF et al. 2016; SOUSA  
416 et al. 2017; PERLES et al., 2019) e *Hepatozoon milleri* também foi descrito no roedor  
417 *Akodon montensis* (DEMONER et al., 2019).

418 *Hepatozoon* spp. já foi descrito no Brasil em serpentes (*Crotalus durissus*,  
419 *Boa constrictor* e *Epicrates crassus*) (ÚNGARI et al., 2018), tartarugas (*Kinosternon*  
420 *scorpioides*) (SOARES et al., 2017), jacarés (*Caiman yacare* e *Caiman crocodilus*)  
421 (VIANA et al., 2010; SOARES et al., 2017) e lagartos (*Hemidactylus mabouia*,  
422 *Phyllopezusperiosus* e *Phyllopezus pollicaris*) (HARRIS et al., 2015), além de  
423 *Hepatozoon ameivae* em lagartos (*Ameiva ameiva*) (PICELLI et al., 2020). Além de  
424 ter sido relacionado à doença clínica em lagartos (*Sceloporus undulatus*, *Eumeces*  
425 *obsoletus* e *Sceloporus poinsetti*) nos Estados Unidos (WOZNIAK et al., 1995).  
426 Outra espécie relacionada à répteis, *Hepatozoon caimani* foi descrita em jacarés no  
427 Pantanal de Mato Grosso e Mato Grosso do Sul (SOARES et al., 2017; BOUER et  
428 al., 2017).

429 Além dos hospedeiros citados anteriormente, *Hepatozoon* spp. tem sido  
430 relatados em diversos animais silvestres e sinantrópicos como felinos a exemplo do  
431 gato mourisco (*Puma yagouaroundi*), onça parda (*Puma concolor*) e onça pintada  
432 (*Panthera onca*) (FURTADO et al., 2017); capivaras (*H. hydrochaeris*) (GOMES et  
433 al., 2018), carnídeos, tais como cachorro vinagre (*Speothos venaticus*) e cachorro do  
434 mato (*Cerdocyon thous*) (ANDRÉ et al., 2010) e lobo-guará (*Chrysocyon brachyurus*)  
435 (PERLES et al., 2019b). Também, *Hepatozoon* sp. em morcegos (PERLES, et al.,  
436 2020; SANTOS et al., 2020), *Hepatozoon procyonis* foi descrita em quatis (*Nasua*  
437 *nasua*) (SILVA et al., 2018b; ESTEVAM et al., 2020), *H. canis* e *Hepatozoon* sp. em  
438 marsupiais (*Didelphis albiventris*) (SILVA et al., 2017) e *Thylamys macrurus*, *D.*  
439 *albiventris* e *Didelphis marsupialis*) (SOUSA et al. 2017; SILVA et al. 2017; COLLE et  
440 al., 2019), respectivamente.

441

442

443

### 444 3 OBJETIVOS

445

#### 446 3.1 Objetivo Geral

447

448 Avaliar a presença de agentes infecciosos em pequenos mamíferos silvestres  
449 e em nos carrapatos em fase de parasitismo do Estado de Mato Grosso.

450

#### 451 3.2 Objetivos Específicos

452

453 • Investigar a fauna de pequenos mamíferos terrestres silvestres (roedores e  
454 marsupiais) hospedeiros e os carrapatos em fase de parasitismo no município de  
455 Barra do Garças, Mato Grosso, Brasil;

456 • Detectar a presença de DNA de *Rickettsia* spp. nos carrapatos coletados em  
457 Barra do Garças, Mato Grosso, Brasil;

458 • Analisar a ocorrência e diversidade genética do gênero *Bartonella* em  
459 quirópteros dos municípios de Alta Floresta, Diamantino, São José do Rio Claro e  
460 Sinop; e em pequenos mamíferos terrestres de Barra do Garças, Cláudia e Sinop,  
461 Mato Grosso, Brasil;

462 • Avaliar a presença de *Coxiella burnetii* em pequenos mamíferos terrestres dos  
463 municípios Aripuanã, Barra do Bugres, Barra do Garças, Chapada dos  
464 Guimarães, Cuiabá, Nova Ubitatã e Rosário Oeste; e morcegos de Alta Floresta,  
465 Diamantino, São José do Rio Claro e Sinop, Mato Grosso, Brasil;

466 • Investigar a presença de protozoários do gênero *Hepatozoon* e ordem  
467 Piroplasmorida (gêneros *Babesia* e *Theileria*) em pequenos mamíferos terrestres  
468 dos municípios Aripuanã, Barra do Bugres, Barra do Garças, Chapada dos  
469 Guimarães, Cuiabá, Nova Ubitatã e Rosário Oeste; e morcegos de Alta Floresta,  
470 Diamantino, São José do Rio Claro e Sinop, Mato Grosso, Brasil.

471

472

473

474

475

476

## 477 **4 MATERIAL E MÉTODOS**

478

### 479 **4.1 Autorizações para pesquisa**

480

481 Esta pesquisa foi desenvolvida sob autorização do Instituto Brasileiro do Meio  
482 Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA, protocolo no. 18646-2),  
483 Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio, protocolo no.  
484 8863-1) e do Comitê de Ética no Uso de Animais da UFMT sob os números de  
485 protocolo 23108.076870/2015-41 e 23108.015878/2019-65.

486

### 487 **4.2 Área de estudo**

488

#### 489 **4.2.1 Pesquisa de *Bartonella* spp.**

490

491 O estudo foi realizado com amostras de quirópteros coletados nos  
492 municípios de Alta Floresta (9° 52' 32" S, 56° 5' 10" W), Diamantino (14° 24' 32" S,  
493 56° 26' 45" W), São José do Rio Claro (13° 26' 49" S, 56° 43' 15" W) e Sinop (11°  
494 49' 1.71" S, 55° 24' 39.05" W) e de pequenos mamíferos terrestres capturados nos  
495 municípios Cláudia (11° 30' 55" S, 54° 53' 29" W), Sinop e provenientes do estudo  
496 realizado em Barra dos Garças, Mato Grosso, Brasil (Figura 1).

497

#### 498 **4.2.2 Pesquisa de *Coxiella***

499

500 Pequenos mamíferos terrestres dos municípios em Aripuanã (10° 10' 1" S,  
501 59° 27' 32" W), Barra do Bugres (15° 4' 22" S, 57° 10' 51" W), Barra do Garças ,  
502 Chapada dos Guimarães (15° 27' 39" S, 55° 45' 0" W), Cuiabá (15° 35' 45" S, 56°  
503 5' 49" W), Nova Ubiratã (13° 0' 53" S, 55° 15' 50" W ) e Rosário Oeste (14° 50' 9"  
504 S, 56° 25' 40" W); e quirópteros de Alta Floresta, Diamantino, São José do Rio  
505 Claro e Sinop, Mato Grosso, Brasil (Figura 1).

506

#### 507 **4.2.3 Pesquisa da ordem Piroplasmorida e gênero *Hepatozoon***

508

509 As análises foram realizadas com amostras de pequenos mamíferos  
510 terrestres dos municípios Aripuanã, Barra do Bugres, Barra do Garças, Chapada dos

511 Guimarães, Cuiabá, Nova Ubitatã e Rosário Oeste; e quirópteros de Alta Floresta,  
 512 Diamantino, São José do Rio Claro e Sinop, Mato Grosso, Brasil (Figura 1).

513

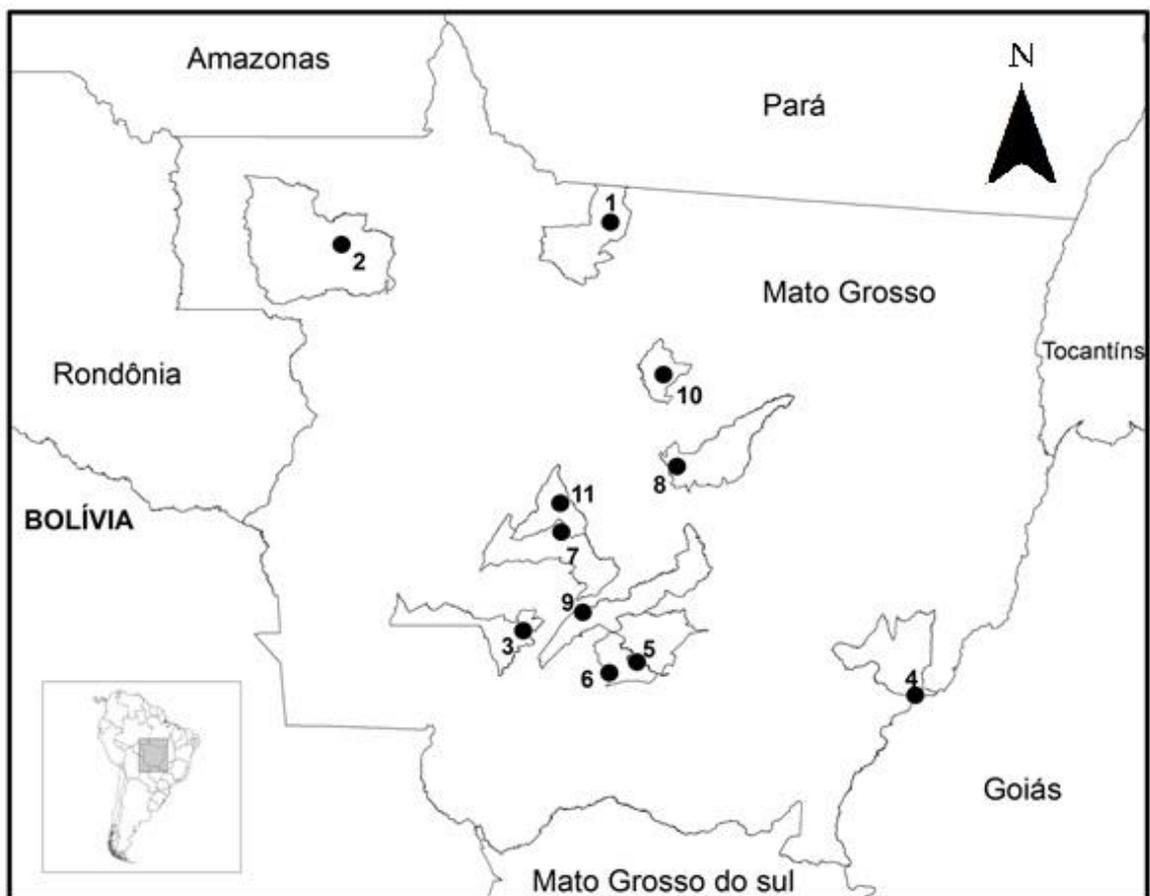
514 **4.2.4 Pesquisa de carrapatos e *Rickettsia* spp. relacionados a pequenos**  
 515 **mamíferos**

516

517 O estudo foi realizado no Parque Estadual da Serra Azul, no município de  
 518 Barra do Garças (15° 51'S, 51°16'W), no estado de Mato Grosso, Centro-Oeste do  
 519 Brasil (Figura 1).

520

521



522

523 **Figura 1:** Mapa da área de estudo, destacando os municípios de Alta Floresta (1), Aripuanã (2), Barra  
 524 do Bugres (3), Barra do Garças (4), Chapada dos Guimarães (5), Cuiabá (6), Diamantino (7), Nova  
 525 Ubitatã (8), Rosário Oeste (9), Sinop (10) e São José do Rio Claro (11), no Estado de Mato Grosso,  
 526 Brasil.

527

## 528 **4.3 Captura dos mamíferos e obtenção das amostras**

529

### 530 **4.3.1 Alta Floresta, Diamantino e São José do Rio Claro**

531

532 As capturas dos morcegos ocorreram de janeiro de 2014 a julho de 2019  
533 durante diferentes expedições científicas realizadas pelo Laboratório de  
534 Mastozoologia do Instituto de Biociências da Universidade Federal de Mato Grosso.

535 Realizou-se capturas de morcegos com o auxílio de seis redes de neblina  
536 (*mist nets*) armadas nas diferentes áreas de amostragem, sendo as redes abertas as  
537 18h00min e fechadas as 00h00min. Uma vez capturados, os morcegos foram  
538 eutanasiados com anestésicos injetáveis (cloridrato de xilazina 2% e cloridrato de  
539 cetamina 10%), conforme diretrizes da Resolução do Conselho Federal de Medicina  
540 Veterinária. Amostras de sangue foram coletadas e armazenadas como descrito  
541 anteriormente para os pequenos mamíferos terrestres. Os animais eutanasiados  
542 foram preservados em freezer a -20° C.

543 Quanto à coleta de tecidos, através de laparotomia, um fragmento foi retirado  
544 do baço, pulmão e fígado de cada carcaça de morcego. Em seguida, as amostras  
545 foram organizadas separadamente em mitrotubos de polipropileno estéreis e  
546 mantidas em freezer a -20° C até o processamento.

547

### 548 **4.3.2 Aripuanã, Barra do Bugres, Chapada dos Guimarães, Cuiabá, Nova** 549 **Ubiratã e Rosário Oeste**

550

551 As capturas dos pequenos mamíferos terrestres ocorreram de janeiro de 2014  
552 a julho de 2019 durante diferentes expedições científicas realizadas pelo Laboratório  
553 de Mastozoologia do Instituto de Biociências da Universidade Federal de Mato  
554 Grosso. Os procedimentos de manejo dos animais seguiram as Diretrizes da  
555 Sociedade Americana de Mastozoólogos para o uso de mamíferos silvestres em  
556 pesquisa (SIKES et al., 2016).

557 Os pequenos mamíferos terrestres foram capturados com auxílio de  
558 armadilhas dos tipos Tomahawk (16,5 cm x 16,5 cm x 35 cm) e Sherman (9,5 cm x  
559 8 cm x 25 cm) e iscas atrativas constituídas de banana, pasta de amendoim, fubá e  
560 óleo de sardinha.

561 Uma vez capturados, os procedimentos de anestesia, eutanásia e obtenção  
562 de amostras biológicas (sangue, baço, fígado e pulmão) foram realizados do mesmo  
563 modo que em Barra do Garças, MT. Amostras biológicas coletadas das referidas  
564 carcaças de pequenos mamíferos foram disponibilizadas pelo curador da coleção  
565 zoológica, o Prof. Dr. Rogério Vieira Rossi.

566

#### 567 **4.3.3 Barra do Garças**

568

569 Pequenos mamíferos não-voadores foram capturados durante duas  
570 expedições de campo realizadas de 18 a 29 de setembro de 2017 (estação seca) e  
571 de 11 a 21 de março de 2018 (estação chuvosa) em dezoito pontos de amostragem,  
572 definidos em duas trilhas paralelas de ~ 5 km separadas por 1 km de distância  
573 (Figura 2). Em cada ponto de amostragem, foi estabelecida uma linha de estações  
574 de armadilhas compostas por uma armadilha tipo Sherman (250 × 80 × 90 mm) e  
575 uma armadilha tipo Tomahawk (300 × 160 × 160 mm) dispostas no solo ou em  
576 cipós, alternativamente, totalizando 20 armadilhas por ponto.

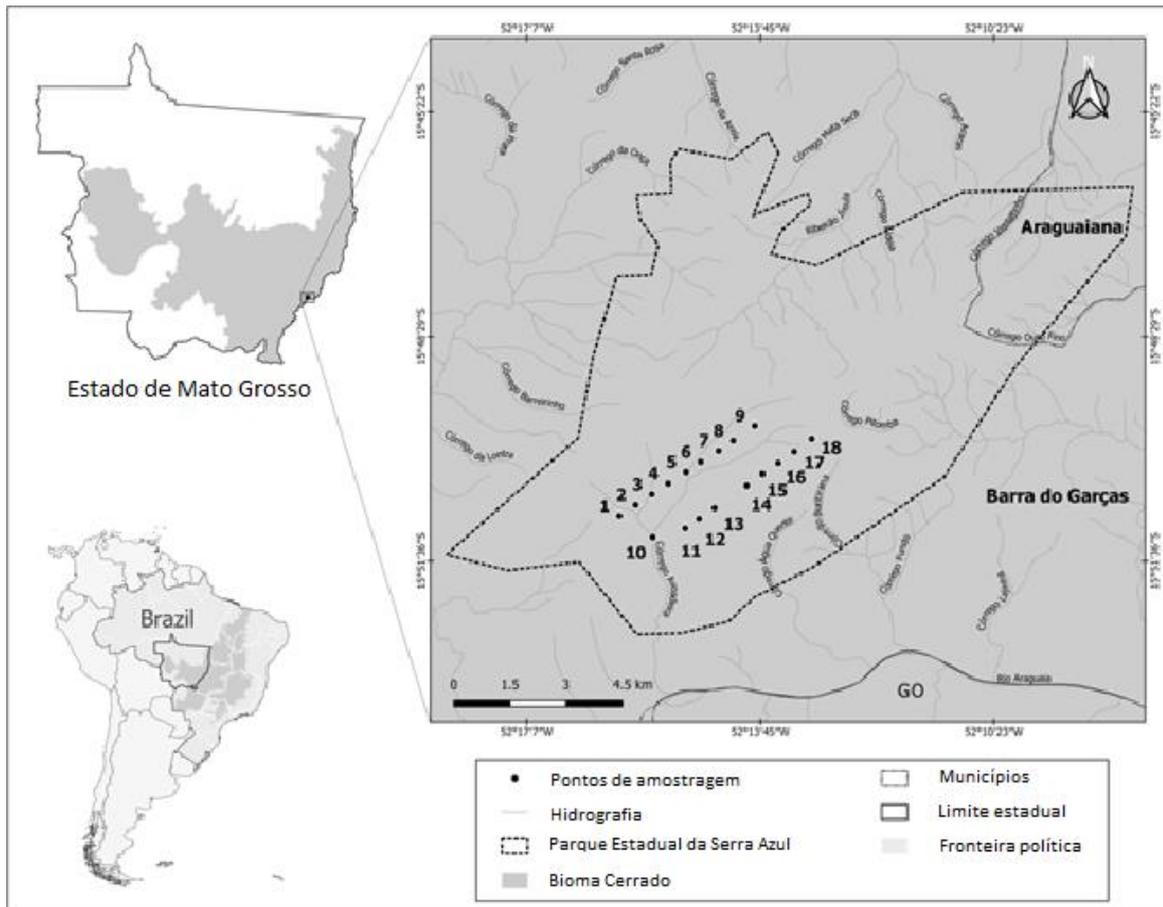
577 Cada estação foi separada por 10 m, e as armadilhas foram iscadas com um  
578 pedaço de banana e uma mistura feita de pasta de amendoim, farinha de milho, óleo  
579 de sardinha e extrato de baunilha. Todas as 360 armadilhas permaneceram ativas  
580 por 23 dias considerando as duas expedições de campo e foram checadas e re-  
581 iscadas diariamente sempre que necessário.

582 Os animais capturados foram anestesiados por injeção intramuscular de  
583 solução de cloridrato de cetamina/xilazina. A partir daí, o sangue foi coletado por  
584 punção cardíaca e preservado em microtubos de polipropileno estéreis com etanol  
585 (1:1) e os animais foram cuidadosamente avaliados quanto à presença de  
586 carrapatos com auxílio de pente fino e pinças. Uma vez recolhidos,  
587 independentemente do estágio de desenvolvimento, os carrapatos foram  
588 preservados em etanol absoluto e, em seguida, levados para o laboratório.

589 Todos os espécimes de mamíferos foram posteriormente eutanasiados por  
 590 doses crescentes de anestésico e amostras de tecido (baço, fígado e pulmão) foram  
 591 retiradas e armazenadas em freezer a -20°C.

592 As carcaças dos animais se encontram depositadas na Coleção Zoológica de  
 593 Mamíferos da Universidade Federal de Mato Grosso.

594



595

596 **Figura 2:** Localização da área de estudo no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do  
 597 Garças, Estado de Mato Grosso, Brasil.

598

#### 599 4.3.4 Cláudia e Sinop

600

601 As amostras de pequenos mamíferos terrestres dos municípios de Cláudia e  
 602 Sinop, MT, são provenientes do estudo intitulado “Molecular survey of tick-borne  
 603 pathogens in small mammals from Brazilian Amazonia” realizado por Colle et al.  
 604 (2019).

605

606 Amostras de morcegos obtidas em Sinop seguiram mesma metodologia  
 citada para Alta Floresta, Diamantino e São José do Rio Claro.

#### 607 **4.4 Identificação dos pequenos mamíferos**

608

609 Marsupiais foram identificados de acordo com Gardner (2007), com exceção  
610 dos gêneros *Gracilinanus*, *Marmosa*, *Marmosops* e *Monodelphis*, que foram  
611 identificados com base em Semedo et al. (2015), Díaz-Nieto e Voss (2016), Pavan et  
612 al. (2017) e Pavan (2019), respectivamente.

613 Roedores foram identificados de acordo com Patton et al. (2015), exceto  
614 *Neacomys*, *Oecomys* e *Oligoryzomys*, que foram identificadas com base em Hurtado  
615 e Pacheco (2017), Suárez-Villota et al. (2018) e Weksler et al. (2017),  
616 respectivamente.

617 Morcegos foram identificados com base nos estudos de Wilson e Mittermeie  
618 (2019) e Gardner (2007).

619

#### 620 **4.5 Identificação morfológica dos carrapatos**

621

622 As ninfas de *Amblyomma* foram identificadas morfológicamente em nível de  
623 espécie conforme Martins et al. (2010, 2016b).

624 Duas larvas de *Ornithodoros* sp. foram preparadas em meio de Hoyer para  
625 montagem de lâminas semipermanentes e posterior exame por microscopia de luz  
626 (Olympus, Tóquio, Japão). As comparações morfológicas de larvas de *Ornithodoros*  
627 foram baseadas em descrições originais de Ornithodorinae Neotropical (ENDRIS et  
628 al. 1989; VENZAL et al. 2008; NAVA et al. 2013; LABRUNA et al. 2016; MUÑOZ-  
629 LEAL et al. 2016; 2020). As larvas montadas em lâmina foram fotografadas com o  
630 software Image-Pro Plus 5.1 para ilustrar os caracteres morfológicos.

631

#### 632 **4.6 Extração de Ácido Nucléico**

633

634 A extração de DNA das amostras de sangue, baço, fígado e pulmão foi  
635 realizada utilizando-se o kit comercial de extração de DNA da Invitrogen®  
636 (PureLink™ Genomic DNA Mini Kit, Thermo Fisher Scientific, Waltham,  
637 Massachusetts, USA), conforme instruções do fabricante.

638 Para carrapatos, uma larva de *Ornithodoros*; quatro larvas individuais, 14  
639 individuais e 18 “pools” de três ninfas de *Amblyomma* foram submetidos à extração  
640 de DNA pelo protocolo de isotiocianato de guanidina (SANGIONI et al., 2005).

641

642 **4.7 Amplificação de DNA**

643

644 Para verificar o sucesso da extração dos carrapatos do gênero *Amblyomma* e  
645 para identificar molecularmente a espécie de *Ornithodoros*, a amplificação do DNA  
646 foi realizada através da Reação em Cadeia pela Polimerase (PCR) direcionado a um  
647 fragmento do gene mitocondrial 16S rRNA do carrapato conforme Mangold et al.  
648 (1998).

649 Para pesquisa de *Rickettsia* spp., as amostras de DNA de *Amblyomma* spp.  
650 foram analisadas por PCR, através do gene citrato sintase (*gltA*), comum a todas as  
651 espécies de *Rickettsia* e, as amostras positivas na PCR para o fragmento do gene  
652 *gltA*, foram submetidas à uma nova PCR visando à amplificação um fragmento do  
653 gene da proteína da membrana externa de 190-kDa (*ompA*), presente somente nas  
654 riquetsias do Grupo da Febre Maculosa (GFM).

655 Para as amostras de DNA obtidas dos pequenos mamíferos, foi realizado  
656 PCR baseada amplificação de um fragmento do gene endógeno gliceraldeído-3-  
657 fosfato desidrogenase (GAPDH) como controle da reação a fim de se verificar a  
658 presença de DNA amplificável (BIRKENHEUER et al., 2003).

659 Para detecção de DNA de *Bartonella* spp. foi realizada uma triagem inicial por  
660 meio da técnica de qPCR baseada no gene *nuoG* com a sonda de hidrólise TaqMan  
661 (TexasRed-5'-TTYGTCATTTGAACACG-3'[BHQ2aQ]3') e ciclos térmicos, conforme  
662 descrito por André et al. (2015) em amostras de DNA dos pequenos mamíferos  
663 terrestres capturados nos municípios de Barra do Garças, Cláudia e Sinop e de  
664 morcegos dos municípios de Alta Floresta, Diamantino, São José do Rio Claro e  
665 Sinop. Visando a caracterização molecular das amostras positivas para *Bartonella*  
666 spp. nos ensaios de qPCR (*nuoG*), foram realizadas PCRs convencionais baseadas  
667 nos genes: citrato sintase (*gltA*), codificador de proteína FtsZ (*ftsZ*) e sub-unidade  
668 beta da RNA polimerase (*rpoB*). Todas as análises moleculares de *Bartonella* spp.  
669 (qPCR e PCR) foram realizadas no Laboratório de Imunoparasitologia da UNESP,  
670 Campus Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

671 Objetivando a amplificação de um fragmento do gene CTP sintase (*pyrG*) de  
672 *Coxiella* foram testados amostras de roedores e marsupiais provenientes dos  
673 municípios de de Aripuanã, Barra do Bugres, Barra do Garças, Chapada dos  
674 Guimarães, Cuiabá, Nova Ubiratã e Rosário Oeste e morcegos de Alta Floresta,

675 Diamantino, São José do Rio Claro e Sinop, Mato Grosso, Brasil; 18S rRNA de  
676 *Hepatozoon* spp. e de Ordem Piroplasmorida (gêneros *Babesia* e *Theileria*) foram  
677 realizadas com as amostras de DNA dos tecidos dos pequenos mamíferos terrestres  
678 (dos municípios Aripuanã, Barra do Bugres, Barra do Garças, Chapada dos  
679 Guimarães, Cuiabá, Nova Uiratã e Rosário Oeste) e dos morcegos (Alta Floresta,  
680 Diamantino, São José do Rio Claro e Sinop).

681 Os ensaios de PCR foram realizados em um volume total de 25 uL, que  
682 continha pelo menos 50 ng/uL de DNA alvo, 0,3 mM de cada desoxinucleotídeo  
683 trifosfato (dNTPs), 10 pmol de cada oligonucleotídeo iniciador (Integrated DNA  
684 Technologies<sup>®</sup>, Cedar Rapids, EUA), 1U de Taq DNA polimerase (Sigma-Aldrich<sup>™</sup>,  
685 Darmstadt, Alemanha) e 1x tampão de reação (Sigma-Aldrich<sup>™</sup>, Darmstadt,  
686 Alemanha) contendo 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>. Todos os conjuntos de iniciadores utilizados  
687 no presente estudo estão listados na Tabela 1.

688 Controles negativos (água livre de nuclease) e controles positivos adequados  
689 foram incluídos em cada reação da seguinte forma: *Bartonella* spp. de sangue de  
690 morcegos naturalmente infectados (IKEDA et al., 2017), *B. vogeli* e *H. canis*, ambos  
691 obtidos de sangue de cães naturalmente infectados (MAIA et al., 2019), *C. burnetii*  
692 (PACHECO et al. , 2013), e *R. rickettsii* de cultivo em célula VERO.

693 Os produtos de amplificação da PCR foram corados com GelRed<sup>™</sup> Nucleic  
694 Acid Gel Stain (Biotium, Fremont, Califórnia), submetidos à eletroforese em gel de  
695 agarose a 1,5% e visualizados em ChemiDoc<sup>™</sup> XRS (Bio-Rad, Hércules, Califórnia)  
696 com auxílio do software ImageLab<sup>™</sup><sup>®</sup>.

697

698

699

700

701

702

**Tabela 1.** Genes-alvo, oligonucleotídeos e protocolos de amplificação de DNA utilizados nesse estudo.

Organismo	Gene alvo (tamanho do amplicon)	Sequência de nucleotídeos (5'- 3')	Ciclos térmicos dos ensaios de PCR	Referência
<i>Bartonella</i>	Citrato sintase (767 pb)	CS443f (GCTATGTCTGCATTCTATCA) CS1210R (GATCYTCAATCATTCTTTCCA)	94 °C por 5 min; 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 54 °C por 1 m e 72 °C por 1 m; e extensão final de 72 °C por 5 min.	Billeter et al. 2011
	Codificador de proteína <i>FtsZ</i> (515 pb)	FtszF (CATATGGTTTTCTACTGTCYGGTATGG) FtszR (TTCTTCGCGAATACGATTAGCAGCTTC)	94 °C por 5 min; 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 60 °C por 1 m e 72 °C por 1 m; e extensão final de 72 °C por 5 min.	Paziewska et al. 2011
	Sub-unidade beta da RNA polimerase - <i>rpoB</i> (825 pb)	1400F (CGCATTGGCTTACTTCGTATG) 2300R (GTAGACTGATTAGAACGCTG)	94 °C por 5 min; 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 53 °C por 1 m e 72 °C por 1 m; e extensão final de 72 °C por 5 min.	Renesto et al. 2001
Carrapato	Mitocondrial 16S rRNA (~ 460 pb)	16S + 1 (CCGGTCTGAACTCAGATCAAGT) 16S -1 (GCTCAATGATTTTTTAAATTGCTGT)	94 °C por 3 min; 10 ciclos de 94 °C por 30 s, 48 °C por 30 s e 72 °C por 40 s; 15 ciclos de 94 °C por 30 s, 50 °C por 30 s e 72 °C por 40 s; 94 °C por 30 s, 10 ciclos de 94 °C por 30 s, 55 °C por 30 s e 72 °C por 40 s; e extensão final de 72 °C por 7 min.	Mangold et al. 1998
<i>Coxiella</i> spp.	CTP synthase (504 bp)	CoxF-pry2 (TTATTTACCAACGTTCTGAGCCG) CoxR-pry2 (TTTATCCCGAGCAAATTCATTATGG)	95 °C por 5 min; 40 ciclos de 95 °C por 60 s, 60 °C por 60 s e 72 °C por 60 s; extensão final de 72 °C por 10 min.	Reeves et al., 2006
<i>Hepatozoon</i> spp.	18S rRNA (574 bp)	HEP144-169 (GGTAATTCTAGAGCTAATACATGAGC) HEP743-718 (ACAATAAAGTAAAAACAYTTCAAAG)	95 °C por 5 min; 35 ciclos de 95 °C por 30 s, 57 °C por 30 s e 72 °C por 60 s; extensão final de 72 °C por 5 min	Almeida et al., 2012
Mamífero	GAPDH (590 bp)	GAPDHF (CCTTCATTGACCTCAACTACAT) GAPDHR (CCAAAGTTGTCATGGATGACC)	95 °C por 5 min; 35 ciclos de 95 °C por 15 s, 50 °C por 30 s e 72 °C por 30 s; e extensão final de 72 °C por 5 min.	Birkenheuer et al., 2003
Piroplasmorida	18S rRNA (551 bp)	BAB143-167 (CCGTGCTAATTGTAGGGCTAATAC) BAB694-667 (GCTTGAAACACTCTARTTTTCTCAAAG)	95 °C por 5 min; 35 ciclos de 95 °C por 30 s, 61 °C por 30 s e 72 °C por 30 s; extensão final de 72 °C por 7 min	Almeida et al., 2012
<i>Rickettsia</i>	<i>gltA</i> (401 pb)	CS78-F (GCAAGTATCGGTGAGGATGTAAT) CS323-R (GCTTCCTTAAAATTCAATAAATCAGGAT)	95 °C por 5 min; 40 ciclos de 95 °C por 30 s, 62 °C por 30 s e 72 °C por 40 s; e extensão final de 72 °C por 7 min.	Labruna et al. 2004

*ompA* (530 pb)

Rr190.70p (ATGGCGAATATTTCTCCAAA)  
Rr190.602n (AGTGCAGCATTGCTCCCCCT)

95 °C por 5 min; 40 ciclos de 95 °C por 40 s, 58 °C por  
30 s e 72 °C por 45 s; e extensão final de 72 °C por 10  
min.

Regnery et al.  
1991

---

## 704 **4.8 Purificação e sequenciamento genético**

705

706 Os fragmentos amplificados foram purificados usando o Kit de Purificação de  
707 Banda de DNA e Gel de PCR Illustra GFX (GE Healthcare, Chicago, Illinois)  
708 conforme instruções dos fabricantes e preparados para o sequenciamento com kit  
709 BigDye™ (Applied Biosystems, Foster, Califórnia).

710 Para o sequenciamento utilizou-se um sequenciador automático ABI-PRISM  
711 3500 (Applied Biosystems, Foster, Califórnia) conforme recomendações do  
712 fabricante. As sequências obtidas foram alinhadas e confrontadas com banco de  
713 dados do NCBI (Basic Local Alignment Search Tool analysis) (BLAST; ALTSCHUL et  
714 al., 1990) para determinar as identidades mais próximas com organismos  
715 congêneres disponíveis no GenBank.

716

## 717 **4.9 Análise filogenética**

718

### 719 **4.9.1 *Bartonella* spp.**

720

721 Foram geradas sequências dos genes *gltA*, *ftsZ* e *rpoB* de *Bartonella* spp. que  
722 com auxílio do programa Phred-Phrap versão 23 (EWING e GREEN, 1998; EWING  
723 et al., 1998) tiveram seus eletroferogramas analisados observando-se a qualidade  
724 dos picos correspondentes a cada base sequenciada e em seguida, suas  
725 sequências-consensos construídas analisando-se ambas as fitas *forward* e *reverse*  
726 sequenciadas da mesma amostra.

727 A sequência consenso de cada amostra foi submetida à análise pelo programa  
728 BLASTn (ALTSCHUL et al., 1990) para confronto a fim de comparar com  
729 aquelas depositadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>). As  
730 sequências foram então alinhadas com outras sequências homólogas do mesmo  
731 gene sequenciado retiradas do banco de dados (GenBank), utilizando o software  
732 Clustal/W (THOMPSON et al., 1994) via Bioedit v. 7.0.5.3 (HALL, 1999).

733 O método de Inferência Bayesiana foi realizado utilizando o software MrBayes  
734 v3.2.2 (RONQUIST e HUELSENBECK, 2003). A análise Bayesiana foi realizada com  
735  $10^9$  gerações e números de classes de substituição variando conforme o modelo  
736 evolutivo para cada conjunto de dados, o qual foi escolhido utilizando o software  
737 jModelTest 2 (GUINDON e GASCUEL, 2003; DARRIBA et al., 2012) por critérios de

738 seleção AIC e BIC (POSADA e BUCKLEY, 2004). Os modelos evolutivos utilizados  
739 foram: GTR+I+G para o gene *gltA*, TIM+I+G para o gene *ftsZ* e TIM+I+G para o  
740 gene *rpoB*. A edição das árvores filogenéticas, assim como o enraizamento (via  
741 grupo externo), foi realizada utilizando o software Treegraph 2.13.0 beta (STOVER e  
742 MULLER, 2010).

743

#### 744 **4.9.2 *Hepatozoon* spp. e *Babesia* sp.**

745

746 Sequências de 18S rDNA geradas neste estudo e sequências homólogas  
747 recuperadas do GenBank foram usadas para construir dois alinhamentos, um para o  
748 *Hepatozoon* spp. e outro para os representantes da Piroplasmorida. As sequências  
749 selecionadas foram alinhadas com Clustal X (THOMPSON et al., 1997) e ajustadas  
750 manualmente com GeneDoc (NICHOLAS et al., 1997). Análises filogenéticas para  
751 cada alinhamento foram realizadas. As inferências de máxima parcimônia foram  
752 construídas conforme implementado no PAUP versão 4.0b10 (SWOFFORD 2002),  
753 usando uma busca heurística em 1000 réplicas, 500 réplicas de bootstrap, árvores  
754 iniciadoras aleatórias de adição de passos (com sequências aleatórias de adição) e  
755 troca de ramificação TBR. A análise Bayesiana foi realizada usando MrBayes v3.1.2  
756 (HUELSENBECK E RONQUIST, 2001) com quatro cadeias Markov independentes  
757 para 1.000.000 de gerações MCMC acopladas a metrópole, amostrando uma árvore  
758 a cada 100 gerações. Depois de eliminar 25% das amostras como “burn-in” uma  
759 árvore consenso foi construída para calcular a probabilidade posterior bayesiana.  
760 Sequências de *Neospora caninum* (L24380, U03069) e *Toxoplasma gondii* (U03070;  
761 L37415) foram utilizadas como grupo externo para a árvore de *Hepatozoon* spp.,  
762 enquanto *Babesia* sp. (AF188001) foi utilizada como grupo externo para a árvore  
763 Piroplasmorida. Os números de acesso do GenBank para todas as sequências  
764 usadas para análises filogenéticas estão embutidos em cada árvore.

765

#### 766 **4.9.3 *Ornithodoros* spp.**

767

768 Após a análise de qualidade de ambas as fitas “forward” e “reverse” geradas da  
769 amostra de Argasideo, um alinhamento foi construído com o programa CLUSTALX  
770 (THOMPSON et al., 1997) usando com 24 sequências homólogas retiradas do  
771 banco de dados (GenBank).

772 Uma árvore filogenética foi inferida pelo método Bayesiano com MrBayes  
773 v3.1.2 (HUELSENBECK e RONQUIST, 2001) usando o modelo GTR, com quatro  
774 cadeias de Markov independentes para  $10^6$  gerações MCMC (Markov Chain Monte  
775 Carlo) e amostragem realizada a cada 100 gerações. Vinte e cinco por cento das  
776 árvores iniciais foram eliminados e as árvores restantes foram usadas para calcular  
777 a probabilidade posterior bayesiana. Sequências de *Ornithodoros brasiliensis*  
778 (GU198363) e *Ornithodoros rostratus* (DQ295780) foram utilizadas como grupo  
779 externo.  
780

## 781 5 RESULTADOS

782

### 783 5.1 Pequenos mamíferos

784

#### 785 5.1.1 Pequenos mamíferos terrestres

786

787 Considerando todos os pequenos mamíferos terrestres analisados nesse  
 788 estudo, independente do agente pesquisado, foram utilizadas amostras de 378  
 789 indivíduos [213 (56,35%) roedores e 165 marsupiais (43,65%)] provenientes de nove  
 790 municípios diferentes, com a seguinte distribuição: 8 (2,1%) roedores de Aripuanã; 5  
 791 (1,5%) roedores de Barra do Bugres; 102 (27%) roedores e 14 (3,7%) marsupiais de  
 792 Barra do Garças; um roedor (0,26%) e 1 (0,26%) marsupial de Cláudia; 10 (2,6%)  
 793 roedores e 20 (5,3%) marsupiais de Chapada dos Guimarães; 3 (0,8%) roedores e 7  
 794 (1,85%) marsupiais de Cuiabá; 37 (9,78%) roedores e 20 (5,3%) marsupiais de Nova  
 795 Ubitatã; 4 (1,1%) e 2 (0,53%) de Rosário Oeste; e 43 (11,4%) e 101 (26,7%) de  
 796 Sinop (Tabela 2).

797 A respeito das espécies de roedores, a de maior ocorrência foi *Thrichomys*  
 798 *pachyurus* com 43,7% (93/213) espécimes, seguido das espécies: *Oecomys bicolor*  
 799 10,8% (23/213), *Neacomys amoenus* 6,6% (14/213), *Hylaeamys megacephalus*  
 800 6,6% (14/213), *Oecomys* sp. 6,1% (13/213), *Proechimys roberti* 6,1% (13/213),  
 801 *Oecomys cf. robertis* 3,8% (8/213), *Cerradomys cf. scotti* 2,4% (5/213), *Calomys* sp.  
 802 2,3% (5/213), *Mesomys hispidus* 1,8% (4/213), *Proechimys* sp. 1,8% (4/213),  
 803 *Cerradomys* sp. 1,4% (3), *Hylaeamys* sp. 0,9% (2/213), *Oecomys paricola* 0,9%  
 804 (2/213), *Proechomys cf. longicaudatus* 0,9% (2/213), *Rhipidomys* sp. 0,9% (2/213),  
 805 *Clyomys laticeps* 0,5% (1/213), *Mus musculus* 0,5% (1/213), *Neacomys* sp. 0,5%  
 806 (1/213), *Necomys* sp. 0,5% (1/213), *Nectomys rattus* 0,5% (1/213), *Oligoryzomys*  
 807 *utiaritensis* 0,5% (1/213).

808 Considerando os marsupiais, a espécie mais abundante foi *Marmosa*  
 809 *constantiae* 32,1% (53/165), *Didelphis marsupialis* 19,4% (32/165), depois  
 810 *Marmosops bishopi* 11% (18/165), *Gracilinanus agilis* 6,7% (11/165), *Didelphis*  
 811 *albiventris* 6,1% (10/165), *Marmosa murina* 5,5 % (9/165), *Caluromys phinlander*  
 812 4,8% (8/165), *Metachirus nudicaudatus* 3,6% (6/165), *Gracilinanus peruanus* 3%  
 813 (5/165), *Monodelphis domestica* 2,4% (4/165), *Thylamys karimii* 1,8% (3/165),  
 814 *Marmosa demerarea* 1,2% (2/165), *Marmosa* sp. 0,6% (1/165), *Marmosops*

815 *noctivagus* 0,6% (1/165), *Marmosops pinheiroi* 0,6% (1/165) e *Philander canus* 0,6%  
816 (1/165).

817

### 818 **5.1.2 Pequenos mamíferos voadores**

819

820 Foram capturados 141 pequenos mamíferos voadores, sendo 51,8% (73/141)  
821 deles provenientes de São José do Rio Claro, 28,4% (40/141) de Alta Floresta,  
822 18,4% (26/141) de Sinop e 1,4% (2/141) de Diamantino.

823 Um total de 28 espécies foram indetificadas, sendo 0,71% (1/141) morcego da  
824 espécie *Artibeus glaucus*, 5,67% (8/141) *Artibeus lituratus*, 7,8% (11/141) *Artibeus*  
825 *obscurus*, 2,12% (3/141) *Artibeus planirostris*, 19,86% (28/141) *Carollia perspicillata*,  
826 2,83% (4/141) *Dermanura gnoma*, 4,25% (6/141) *D. rotundus*, 0,71% (1/141)  
827 *Epitesicus furinalis*, 10,64% (15/141) *Glossophaga soricina*, 0,71% (1/141)  
828 *Hsunycteris cf. thomasi*, 0,71% (1/141) *Lampronnycteris brachyotis*, 0,71% (1/141)  
829 *Lonchophylla thomasi*, 0,71% (1/141) *Lophostoma brasiliense*, 3,55% (5/141)  
830 *Lophostoma silvicolum*, 0,71% (1/141) *Mesophylla macconnelli*, 1,42% (2/141)  
831 *Mimon crenulatum*, 0,71% (1/141) *Molossus molossus*, 1,42% (2/141) *Myotis*  
832 *nigricans*, 0,71% (1/141) *Myotis* sp., 0,71% (1/141) *Peropteryx macrotis*, 4,9%  
833 (7/141) *Phyllostomus elongatus*, 3,55% (5/141) *Phyllostomus hastatus*, 0,71%  
834 (1/141) *Phyllostomus* sp., 7,1%(10/141) *Pteronotus parnellii*, 6,38% (9/141)  
835 *Pteronotus rubiginosus*, 3,55% (5/141) *Rhinophylla pumilio*, 6,38% (9/141)  
836 *Saccopteryx bilineata* e 0,71% (1/141) *Sturnira tildae* (Tabela 2).

837

838

839

840

841

842

843

844

845

846

847

848

849 **Tabela 2.** Pequenos mamíferos testados pela Reação em Cadeia da Polimerase  
 850 (PCR) para detecção de *Bartonella*, *Coxiella*, *Hepatozoon* e Piroplasmorida (gêneros  
 851 *Babesia* e *Theileria*) no presente estudo. NT: tecidos não testados por ausência de  
 852 amostras.  
 853

Município	Espécies de mamíferos (n)	Número de tecidos infectados/ Número de tecidos testados (%)			
		Sangue	Fígado	Baço	Pulmão
<b>Alta Floresta</b>					
<b>ORDEM CHIROPTERA</b>					
	<i>Artibeus lituratus</i> (3)	0/2	NT	0/1	NT
	<i>Artibeus obscurus</i> (3)	1/3 (33,3) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Artibeus planirostris</i> (2)	NT	NT	0/2	NT
	<i>Carollia perspicillata</i> (3)	0/1	NT	1/2 (50) <sup>a</sup>	NT
	<i>Desmodus rotundus</i> (6)	3/6 (50) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Glossophaga cf. soricina</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Lonchophylla thomasi</i> (1)	0/1	NT	NT	-
	<i>Lophostoma silvicolum</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Mimon crenulatum</i> (2)	0/2	NT	NT	NT
	<i>Myotis</i> sp. (1)	1/1 (100) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Phyllostomus elongatus</i> (3)	2/3 (66,7) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Phyllostomus hastatus</i> (1)	1/1 (100) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Pteronotus parnellii</i> (2)	0/2	NT	NT	NT
	<i>Rhinophylla pumilio</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Saccopteryx bilineata</i> (9)	0/3	NT	0/4	0/2
	<i>Sturnira tildae</i> (1)	NT	NT	0/1	NT
<b>Aripuanã</b>					
<b>ORDER RODENTIA</b>					
	<i>Hylaeamys megacephalus</i> (1)	0/1	0/1	0/1	NT
	<i>Mesomys hispidus</i> (1)	0/1	0/1	0/1	NT
	<i>Oecomys bicolor</i> (3)	0/3	0/3	0/2	NT
	<i>Proechimys</i> sp. (3)	0/3	0/3	0/3	NT
<b>Barra do Bugres</b>					
<b>ORDER RODENTIA</b>					
	<i>Neacomys amoenus</i> (1)	1/1 (100) <sup>b</sup>	0/1	0/1	1/1
	<i>Oecomys</i> cf. <i>bicolor</i> (2)	0/2	0/2	0/2	0/2
	<i>Riphidomys</i> sp. (2)	0/2	0/2	0/2	0/2
<b>Barra do Garças</b>					

**ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Didelphis albiventris</i> (6)	0/6	0/6	0/6	0/6
<i>Gracilinanus agilis</i> (3)	0/3	0/3	0/1	0/2
<i>Monodelphis domestica</i> (3)	0/3	0/2	0/2	0/2
<i>Thylamys karimii</i> (2)	0/2	0/1	NT	0/1

**ORDER RODENTIA**

<i>Cerradomys</i> sp. (4)	0/4	0/4	0/4	0/4
<i>Neacomys</i> sp. (1)	0/1	0/1	0/1	0/1
<i>Necomys</i> sp. (1)	0/1	0/1	0/1	0/1
<i>Oecomys</i> sp. (3)	0/3	0/3	0/2	0/3
<i>Thrichomys pachyurus</i> (93)	15/93 (15,7) <sup>c</sup>	1/83 (1,2) <sup>c</sup>	2/79 (2,5) <sup>c</sup>	6/75 (8) <sup>c</sup>

**Cláudia****ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Didelphis marsupialis</i> (1)	NT	NT	0/1	NT
----------------------------------	----	----	-----	----

**ORDER RODENTIA**

<i>Hylaeamys</i> sp. (1)	NT	NT	0/1	NT
--------------------------	----	----	-----	----

**Chapada  
dos  
Guimarães  
s****ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Caluromys phinlander</i> (2)	0/2	NT	NT	NT
<i>Didelphis albiventris</i> (3)	0/3	NT	NT	NT
<i>Gracilinanus agilis</i> (8)	0/8	NT	NT	NT
<i>Marmosa murina</i> (5)	0/5	NT	NT	NT
<i>Monodelphis domestica</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
<i>Thylamys karimii</i> (1)	0/1	NT	NT	NT

**ORDER RODENTIA**

<i>Calomys</i> sp. (1)	0/1	NT	NT	NT
<i>Cerradomys cf. scotti</i> (5)	0/5	0/1	NT	NT
<i>Clyomys laticeps</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
<i>Oecomys cf. robertis</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
<i>Proechomys cf. longicaudatus</i> (2)	0/2	NT	NT	NT

**Cuiabá****ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Caluromys phinlander</i> (1)	0/1	0/1	0/1	NT
<i>Marmosa demerarea</i> (2)	0/1	NT	NT	NT

<i>Marmosa murina</i> (3)	0/2	0/1	0/2	NT
<i>Marmosa</i> sp. (1)	0/1	NT	NT	NT
<b>ORDER RODENTIA</b>				
<i>Nectomys rattus</i> (1)	0/1	0/1	1/1 (100) <sup>b</sup>	NT
<i>Proechimys roberti</i> (1)	NT	0/1	0/1	NT
<i>Proechimys</i> sp. (1)	0/1	NT	NT	NT

**Diamantin**

o

**ORDEM CHIROPTERA**

<i>Pteronotus rubiginosus</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
<i>Peropteryx macrotis</i> (1)	0/1	NT	NT	NT

**Nova****Ubiratã****ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Didelphis albiventris</i> (1)	NT	0/1	0/1	nt
<i>Marmosops bishopi</i> (18)	NT	0/12	0/17	0/14
<i>Metachirus nudicaudatus</i> (1)	NT	0/1	0/1	0/1
<b>ORDER RODENTIA</b>				
<i>Calomys</i> sp. (4)	NT	0/1	0/3	0/4
<i>Hylaeamys megacephalus</i> (10)	NT	0/9	0/6	1/7 <sup>b</sup>

<i>Neacomys amoenus</i> (12)	NT	0/12	0/10	0/11
<i>Oecomys</i> sp. (10)	NT	0/7	0/9	0/8
<i>Oligoryzomys utiariensis</i> (1)	NT	0/1	0/1	0/1

**Rosário****Oeste****ORDER DIDELPHIMORPHIA**

	<i>Marmosops noctivagus</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Philander canus</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<b>ORDER RODENTIA</b>				
	<i>Hylaeamys megacephalus</i> (3)	0/3	NT	NT	NT
	<i>Neacomys amoenus</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
<b>São José</b>					
<b>do Rio</b>					
<b>Claro</b>					

**ORDEM CHIROPTERA**

	<i>Artibeus lituratus</i> (4)	0/4	NT	NT	NT
	<i>Artibeus obscurus</i> (7)	0/7	NT	NT	NT
	<i>Artibeus planirostris</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Carollia perspicillata</i> (14)	8/14 (57,1) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Dermanura cf. gnoma</i> (4)	0/4	NT	NT	NT
	<i>Glossophaga soricina</i> (12)	1/12 (9,1) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Hsunnycteris cf. thomasi</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Lamproncycteris brachyotis</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Lophostoma brasiliense</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Lophostoma silvicolum</i> (4)	2/4 (50) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Mesophylla macconnelli</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Myotis nigricans</i> (1)	1/1 (100) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Phyllostomus elongates</i> (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Phyllostomus</i> sp. (1)	0/1	NT	NT	NT
	<i>Pteronotus parnellii</i> (8)	0/8	NT	NT	NT
	<i>Pteronotus rubiginosus</i> (8)	1/8 (12,5) <sup>a</sup>	NT	NT	NT
	<i>Rhinophylla pumilio</i> (4)	1/4 (25) <sup>a</sup>	NT	NT	NT

**Sinop****ORDEM CHIROPTERA**

	<i>Artibeus glaucus</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Artibeus lituratus</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Artibeus obscurus</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Carollia perspicillata</i> (11)	0/1	0/1	1/3 <sup>a</sup>	0/6
	<i>Epitesicus furinalis</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Glossophaga soricina</i> (2)	NT	NT	NT	0/2
	<i>Molossus molossus</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Myotis nigricans</i> (1)	NT	NT	NT	0/1
	<i>Phyllostomus elongatus</i> (3)	NT	NT	NT	0/3
	<i>Phyllostomus hastatus</i> (4)	NT	NT	NT	0/6

**ORDER DIDELPHIMORPHIA**

<i>Caluromys philander</i> (5)			0/5	
<i>Didelphis marsupialis</i> (31)	0/4	NT	0/27	NT
<i>Gracilinanus peruanus</i> (5)	NT	NT	0/5	NT
<i>Marmosa constantiae</i> (53)	0/4	NT	0/49	NT
<i>Marmosa murina</i> (1)	NT	NT	0/1	NT
<i>Marmosops pinheiroi</i> (1)	0/1			
<i>Metachirus nudicaudatus</i> (5)	0/1	NT	0/4	NT
<b>ORDER RODENTIA</b>				
<i>Mesomys hispidus</i> (3)	NT	NT	0/3	NT
<i>Mus musculus</i> (1)	NT	NT	0/1	NT
<i>Oecomys bicolor</i> (18)	NT	NT	0/18	NT
<i>Oecomys paricola</i> (2)	NT	NT	0/2	NT
<i>Oecomys roberti</i> (7)	NT	NT	0/7	NT
<i>Proechimys roberti</i> (12)	NT	NT	0/12	NT

854 <sup>a</sup> Os resultados referem-se a amostras positivas na qPCR para o teste de *Bartonella*

855 <sup>b</sup> Os resultados referem-se a amostras positivas na PCR para *Hepatozoon*

856 <sup>c</sup> Os resultados referem-se a amostras positivas na PCR para Piroplasmorida

857

858

## 859 5.2 Análise molecular dos tecidos

860

861 As amostras de DNAs testadas molecularmente foram positivos para a  
 862 amplificação de um fragmento do gene GAPDH e a concentração média de DNA foi  
 863 de 25,35 ng/μL e a razão 260/280 foi de 1,67. A extração de DNA foi realizada a  
 864 partir de amostras de 373 animais, sendo 141 morcegos, 169 roedores e 63  
 865 marsupiais. Contabilizando por tecido, foram 318 amostras de sangue, 165 de  
 866 fígado, 350 de baço e 125 de pulmão, resultando em 958 extrações de DNA  
 867 realizadas. A Tabela 2 apresenta os resultados das análises moleculares dos tecidos  
 868 discriminada por espécie animal.

869 Todas as amostras testadas na PCR para *Coxiella* sp. foram negativas.

870 Quanto ao gênero *Bartonella*, foi detectado na qPCR de triagem, DNA de  
 871 *Bartonella* spp. em 5,7% (23/403) mamíferos. Considerando apenas os mamíferos  
 872 voadores, 16,31% (23/141) dos morcegos foram positivos, sendo 5,67% (8/141) de  
 873 Alta Floresta, 9,93% (14/141) de São José do Rio Claro e 0,71% (1/141) de Sinop  
 874 (Tabela 2). As amostras de roedores e marsupiais de Barra do Garças, Cláudia e  
 875 Sinop foram todas negativas. Os morcegos positivos pertencem às espécies: 10%

876 (1/10) *Artibeus obscurus*, 50% (9/18) *Carollia perspicillata*, 50% (3/6) *Desmodus*  
877 *rotundus*, 9,09% (1/11) *Glossophaga soricina*, 40% (2/5) *Lophostoma silvicolu*,  
878 100% (1/1) *M. nigricans*, 100% (1/1) *Myotis* sp., 66,67% (2/3) *Phyllostomus*  
879 *elongatus*, 100% (1/1) *Phyllostomus hastatus*, 11,11% (1/9) *Pteronotus rubiginosus* e  
880 20% (1/5) *Rhinophylla pumilio*.

881 A eficiência, R<sup>2</sup>, “slope” e intercepto-Y das reações variaram de 98,1% a  
882 105,1% (média = 103,04%), 0,980 a 0,992 (média = 0,988), -3,369 a -3,205 (média =  
883 -3,252) e 35,508 a 36,563 (média = 36,185), respectivamente. A quantificação de  
884 *Bartonella* spp. baseada na qPCR de triagem variou de 0,288 a 1530 cópias/μL  
885 (Tabela 3). Após a triagem, 72,73% (16/22) das amostras identificadas na qPCR se  
886 mantiveram positivas para pelo menos um dos genes alvos utilizados visando a  
887 caracterização molecular de *Bartonella* spp. Nesse sentido, o total de 59,09%  
888 (13/22) amplificaram para o gene *gltA*, 50% (11/22) para o gene *rpoB* e 13,64%  
889 (3/22) para *ftsZ*. Devido à qualidade ou ao DNA insuficiente das amostras  
890 amplificadas, sequências dos genes utilizados para caracterização foram obtidas de  
891 apenas treze amostras de *Bartonella* spp. [*gltA* (n = 9), *rpoB* (n = 1), *ftsZ* (n= 3)]  
892 (Tabela 3).

893

894

895

896

897

898

899

900

901

902

903

904

905

906

907

908

909

910 **Tabela 3.** Amostras positivas para *Bartonella* spp. na PCR quantitativo em tempo  
 911 real (qPCR) com as respectivas estimativas de quantificação inicial do DNA alvo e  
 912 na caracterização molecular por PCR convencional baseada em diferentes genes.

Espécie de morcego (N° de campo)	Média de quantificação (cópias/ $\mu$ L)	Genes da caracterização molecular (n° de acesso no GenBank)		
		<i>gltA</i>	<i>rpoB</i>	<i>ftsZ</i>
<i>Artibeus obscurus</i> (RVRQ 43)	1,96 x 10 <sup>2</sup>	Seq (MT882400)	NS	-
<i>Myotis nigricans</i> (TS 204)	3,42 x 10 <sup>0</sup>	-	NS	Seq (MT882 397)
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 189)	1,88 x 10 <sup>1</sup>	NS	-	-
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 194)	2,91 x 10 <sup>1</sup>	Seq (MT882403)	NS	-
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 210)	8,51 x 10 <sup>0</sup>	NS	NS	-
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 220)	2,10 x 10 <sup>0</sup>	NS	NS	-
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 222)	1,88 x 10 <sup>2</sup>	Seq (MT882406)	NS	Seq (MT882 398)
<i>Carollia perspecillata</i> (TS 226)	1,53 x 10 <sup>3</sup>	Seq (MT882408)	-	-
<i>Desmodus rotundus</i> (RVRQ 64)	1,84 x 10 <sup>1</sup>	NS	-	-
<i>Desmodus rotundus</i> (RVRQ 73)	8,80 x 10 <sup>0</sup>	Seq (MT882401)	-	-
<i>Lophostoma silvicolium</i> (TS 150)	5,47 x 10 <sup>1</sup>	Seq (MT882402)	Seq (MT882409)	-
<i>Lophostoma silvicolium</i> (TS 202)	5,74 x 10 <sup>1</sup>	Seq (MT882404)	NS	-
<i>Rhinophylla pumilio</i> (TS 213)	9,62 x 10 <sup>-1</sup>	Seq (MT882405)	-	-
<i>Phyllostomus elongatus</i> (RVRQ 35)	1,40 x 10 <sup>1</sup>	-	NS	-
<i>Phyllostomus elongatus</i> (RVRQ 50)	1,34 x 10 <sup>1</sup>	-	NS	-
<i>Pteronotus rubiginosus</i> (TS 229)	2,91 x 10 <sup>1</sup>	Seq (MT882407)	NS	Seq (MT882 399)

913 NS = amostra positiva na PCR convencional para caracterização, mas não sequenciada devido à  
 914 baixa intensidade de produtos amplificados; Seq = Sequências gênicas geradas com sucesso.

915

916 No total, foi realizada PCR a fim de verificar a presença de DNA de  
 917 *Hepatozoon* spp. e *Babesia* spp. em 373 animais, (141 pequenos mamíferos  
 918 voadores e 232 terrestres).

919 DNA de *Hepatozoon* spp. foi detectado em 0,8% (3/373) dos mamíferos  
 920 analisados, de 27,3% (3/11) municípios distintos. Todos os marsupiais e morcegos  
 921 tiveram resultados negativos e foram positivos um *N. amoenus* proveniente de Barra  
 922 do Bugres foi positivo em amostra de sangue, um *N. rattus* de Cuiabá em amostra  
 923 esplênica e um *H. megacephalus* de Nova Ubitatã em amostra de pulmão (Tabela  
 924 2).

925 Três sequências dos *amplicons* do gene 18S rRNA de *Hepatozoon* spp. foram  
926 geradas a partir das amostras identificadas pelos números de campo TS 130 (*N.*  
927 *amoenus*, TAB 03 (*N. rattus*) e BRM 395 (*H. megacephalus*). Após comparações  
928 com o BLAST, as sequências obtidas de *N. amoenus* e *N. rattus* apresentaram 99%  
929 de identidade (518/519 pb) às sequências de *Hepatozoon* sp. detectadas nos  
930 roedores *Oligoryzomys flavescens* no Estado de São Paulo (KU667309); *Thylamys*  
931 *macrurus* (KX776354) e *Oecomys mamorae* (KX776336) de Mato Grosso do Sul, no  
932 Pantanal Brasileiro. Já a sequência obtida de *H. megacephalus* apresentou  
933 homologia de 99% com sequências de *Hepatozoon* encontrados em serpentes:  
934 507/513 pb idênticos ao *Hepatozoon colubri* (MN723844) detectado em *Coluber*  
935 *longissimus* no Irã e 504/510 pb ao *Hepatozoon* sp. detectado em *Hierophis*  
936 *viridiflavus* na Itália.

937 Os produtos amplificados para a ordem Piroplasmorida foram identificados em  
938 9,1% (1/11) dos municípios e 4,5% (17/373) dos animais, sendo 17 roedores, todos  
939 da espécie *T. pachyurus* e coletados no Município de Barra do Garças. O total de  
940 52,9% (9/17) foram positivo nas amostras de sangue, 23,5% (4/17) no sangue e  
941 pulmão, 5,9% (1/17) no sangue e fígado, 5,9% (1/17) no baço e pulmão, 5,9% (1/17)  
942 no baço e 5,9% (1/17) no pulmão (Tabela 2).

943 As 17 sequências geradas de roedor *T. pachyurus* foram alinhadas e se  
944 mostraram idênticas entre si, assim, foi gerado um consenso de 532 pb com as  
945 sequências de *T. pachyurus*, com homologia 100% idêntica a *Babesia* sp.  
946 (KP757840) detectada em *T. pachyurus*, no Pantanal brasileiro.

947

### 948 **5.3 Análise filogenética dos agentes encontrados nos tecidos**

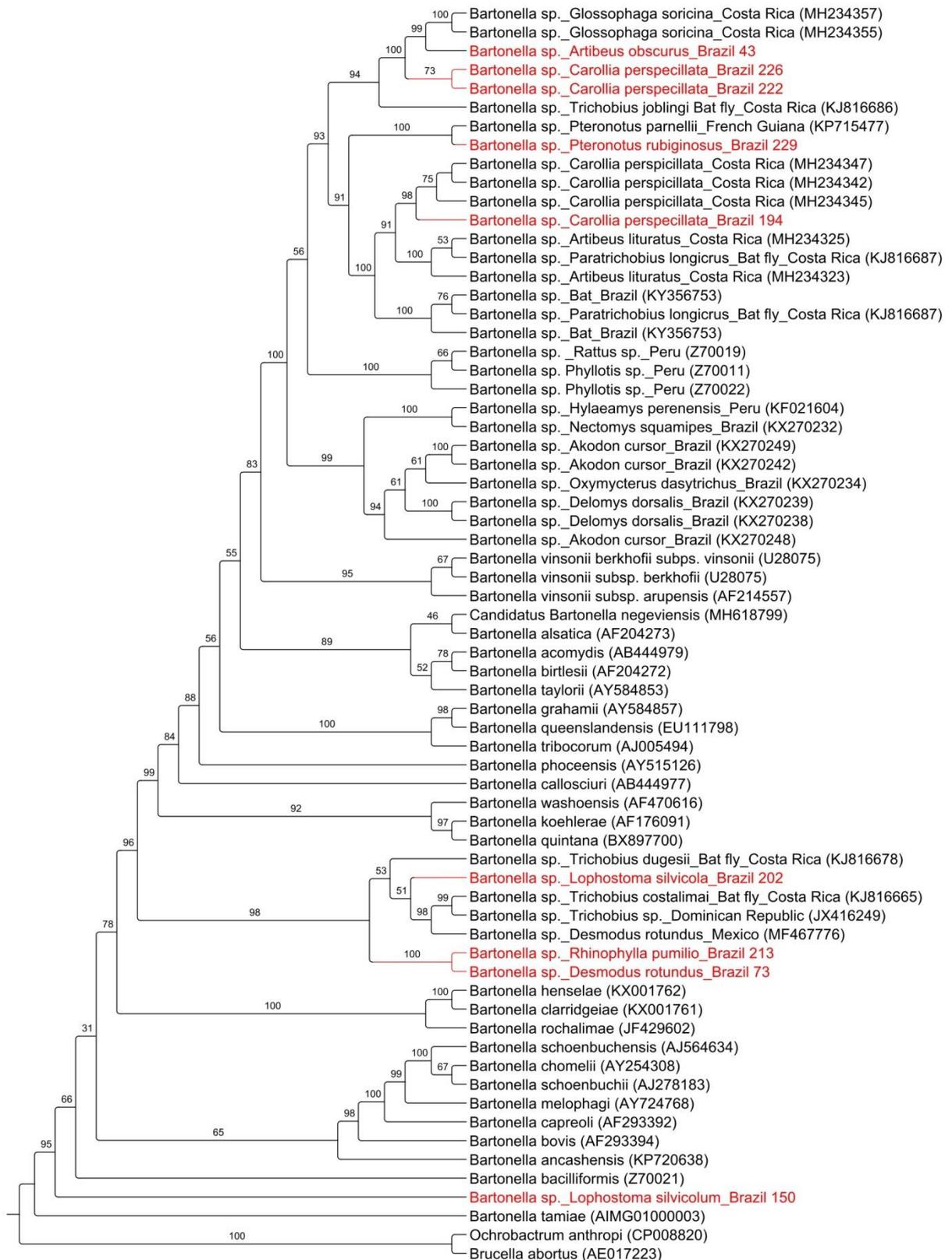
949

#### 950 **5.3.1 *Bartonella* spp.**

951

952 Como resultado da filogenia baseada no *gltA*, a sequência obtida de *A.*  
953 *obscurus* (RVRQ 43) foi alocada sozinha em um ramo, mas mostrou proximidade  
954 com genótipos de *Bartonella* (MH234357 e MH234355) identificados em morcegos  
955 *G. soricina* na Costa Rica, América Central, com suporte de 99%; além de, em um  
956 clado maior, apresentar considerável relação com as sequências de *C. perspicillata*  
957 (TS 222 e 226) obtidas nesse estudo, de 100% de suporte (Figura 3).

958 Ainda sobre a filogenia do gene *gltA*, a sequência de *P. rubiginosus* (TS 229)  
959 foi alocada com suporte de ramo de 100% com o genótipo de *Bartonella* obtido de *P.*  
960 *parnellii* na Guiana Francesa (KP715477), evidenciando estreita proximidade entre  
961 elas. Outrossim, considerando um clado maior, ambas se agruparam com outros  
962 genótipos de *Bartonella* encontrados na Costa Rica e no Brasil, todos obtidos de  
963 morcegos, incluindo a sequência *C. perspecillata* (TS 194) desse estudo (com 91%  
964 de suporte de clado). Dessa forma, as sequências citadas acima: *A. obscurus*  
965 (RVRQ 43), *C. perspecillata* (TS 222 e 226), *C. perspecillata* (TS 194) e *C.*  
966 *perspecillata* (TS 194) se relacionam entre si formando um primeiro grande  
967 agrupamento com 93% de suporte de clado, contemplando inclusive um genótipo de  
968 *Bartonella* de morcego capturado no Brasil (KY356753). *Bartonella* identificada em  
969 *L. silvicolum* (TS 202) foi alocada em um ramo, porém se agrupou com genótipos de  
970 *Bartonella* detectados em moscas de morcegos, do gênero *Trichobius*, identificadas  
971 na Costa Rica (KJ816678 e KJ416249) e República Dominicana (JX416249), com  
972 51% de suporte de ramo. As sequências geradas nesse estudo dos morcegos *R.*  
973 *pumilio* (TS 213) e *D. rotundus* (RVR Q 73) foram relacionadas em um ramo de  
974 suporte de 100%. Acrescenta-se que estas últimas foram relacionadas aos  
975 genótipos de *Bartonella* encontrado em *L. silvicolum* (TS 202) com valor de suporte  
976 de ramo de 98% e formaram assim um segundo agrupamento. Inesperadamente, as  
977 sequências de *Bartonella* sp. obtida de um espécime de *L. silvicolum* (TS 150) não  
978 exibiu proximidade com demais sequências analisadas (Figura 3).  
979



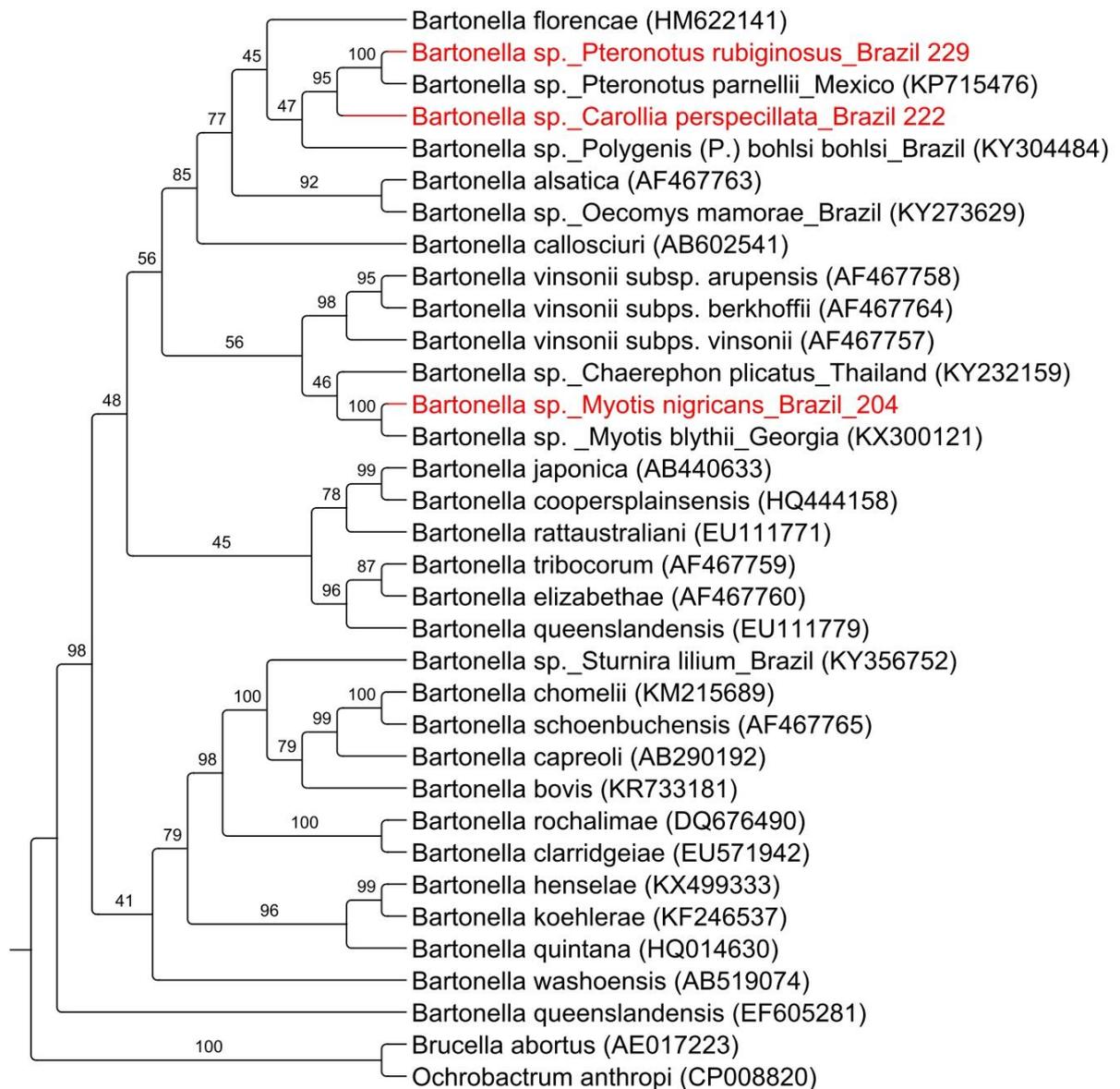
980

981 **Figura 3:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene *gltA* de sequências982 parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de Mato Grosso,

983 Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.

984

985           As sequências do gene *fstZ* analisadas foram alocadas em dois *clusters*  
986 distintos. A sequência *fstZ* obtida a partir da amostra de *M. nigricans* (TS 204) ficou  
987 alocada em um ramo, mas mostrou-se relacionada ao genótipo de *Bartonella*  
988 previamente detectado em um morcego do mesmo gênero, *Myotis blythii*  
989 (KX300121), na República da Geórgia, na Europa Oriental, com 100% de suporte de  
990 clado. Em outro *cluster*, a sequência de *P. rubiginosus* (TS 229) apresentou estreita  
991 relação com a terceira sequência de *fstZ* gerada nesse estudo (TS 222), a partir de  
992 amostra da espécie *C. perspicillata*, e com genótipo de *Bartonella* identificado em *P.*  
993 *parnelli* na Guiana Francesa (KP715476), com valor de suporte de ramo de 95%.  
994 Estas duas sequências (TS 229 e 222) também foram posicionadas com 77% de  
995 suporte em um clado maior com genótipos de *Bartonella* encontrados em rato  
996 *Oecomys mamorae*, (KY273629) e em pulga de rato silvestre, *Polygenis (P.) bohlsi*  
997 *bohlsi* (KY304484), ambos do Pantanal de Mato Grosso do Sul, Brasil (Figura 4).  
998



999

1000

1001 **Figura 4:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene *ftsZ* de sequências  
 1002 parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de Mato Grosso,  
 1003 Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.

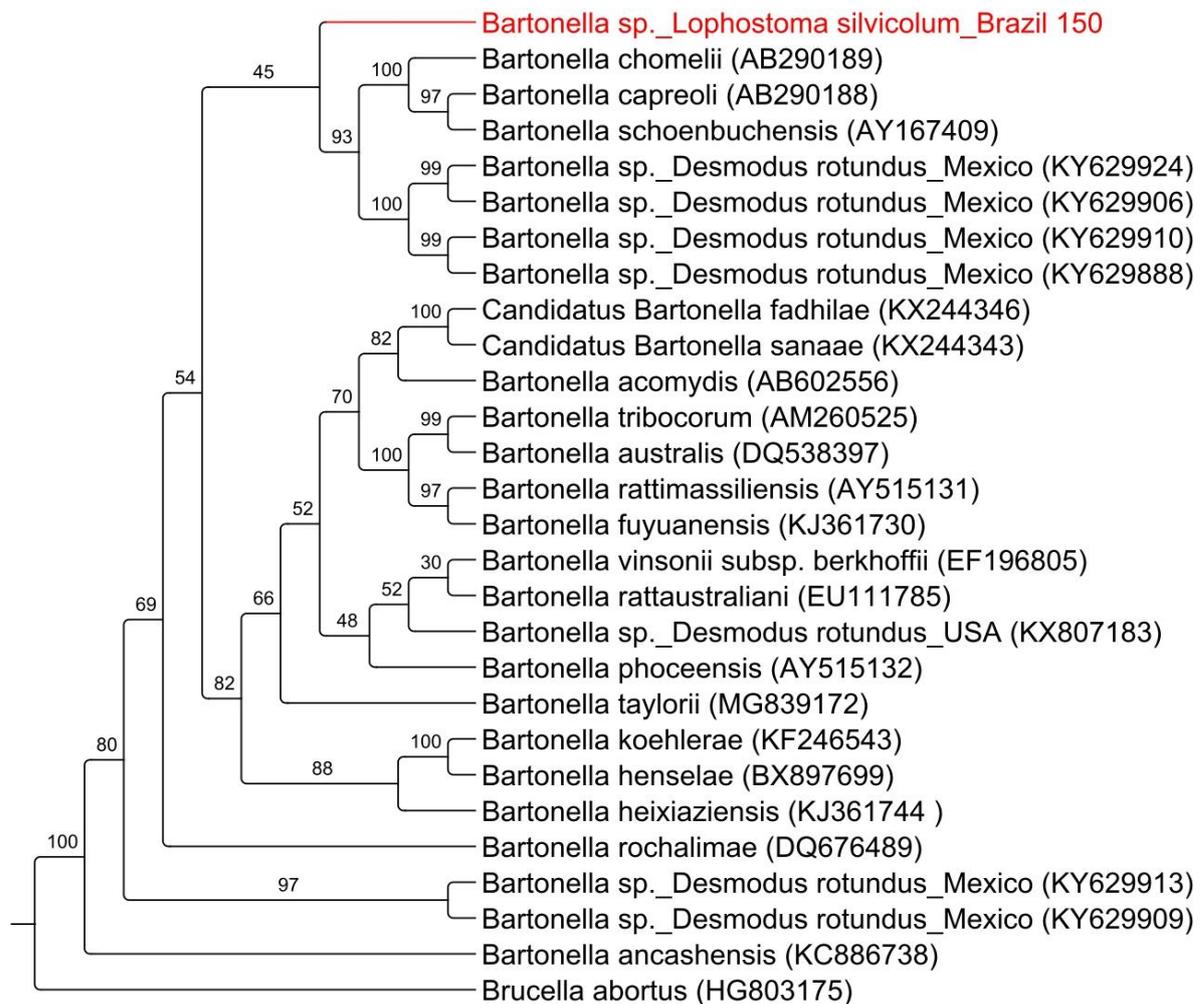
1004

1005

1006

1007 Por fim, a sequência de *Bartonella* baseada no gene *rpoB* obtida de um  
 1008 morcego de *L. silvicolum* (TS 150) foi posicionada em um clado único e separado  
 1009 das demais sequências descritas (Figura 5).

1010



1011

1012

1013 **Figura 5:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para o gene *rpoB* de1014 sequências parciais de genótipos de *Bartonella*, provenientes de morcegos coletados no Estado de

1015 Mato Grosso, Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.

1016

1017

1018

1019

1020

1021

1022

1023

1024

1025

1026

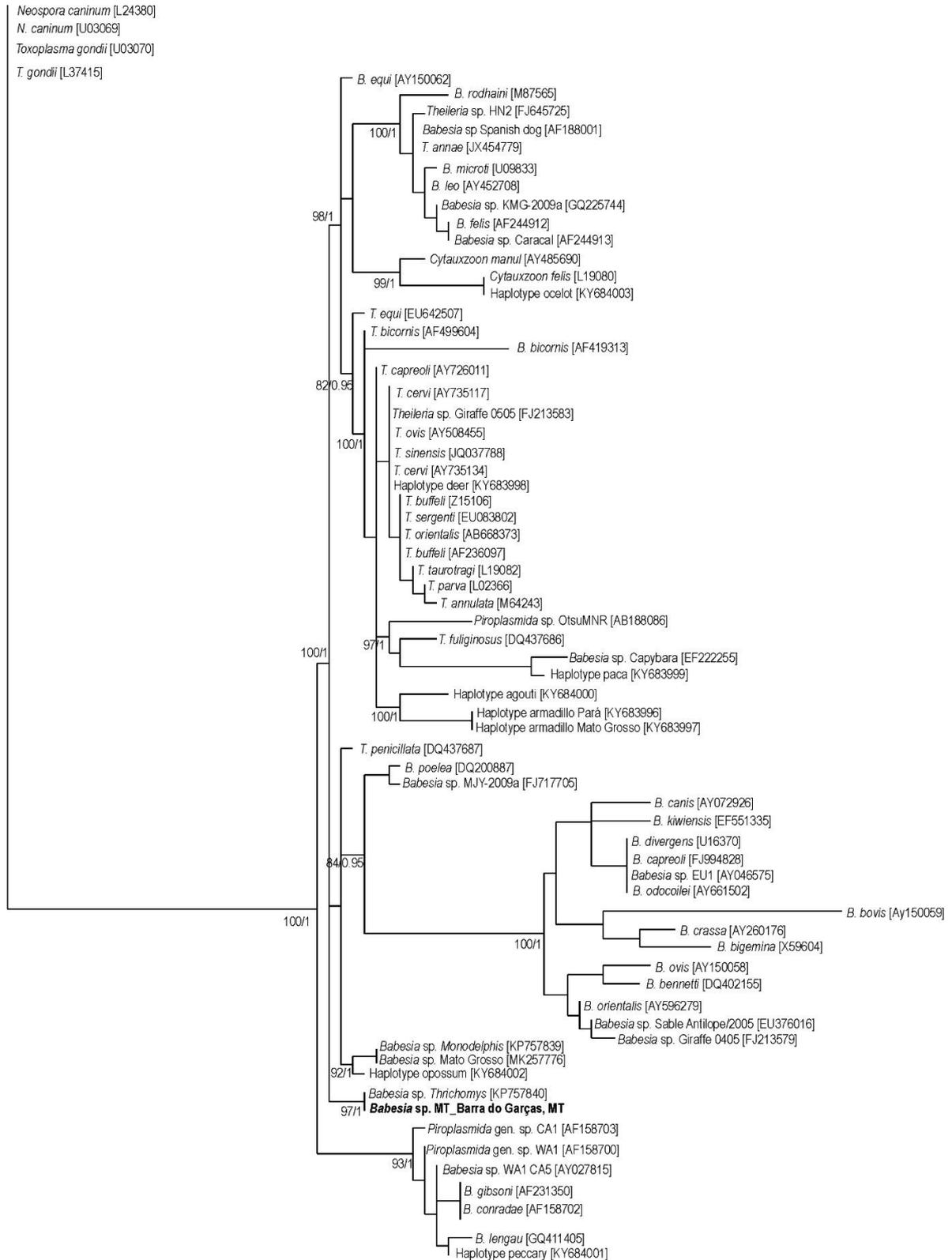
### 1027 **5.3.2 Hepatozoon e Ordem Piroplasmorida.**

1028

1029           As análises filogenéticas inferidas para o gene 18SrRNA de Piroplasmorida  
1030 indicam que *Babesia* sp. MT\_Barra dos Garças, MT obtida a partir de roedores *T.*  
1031 *pachyurus* coletados no Parque Estadual da Serra Azul se agrupa com sequência de  
1032 *Babesia* sp. caracterizada em roedor da mesma espécie (KP757840) proveniente do  
1033 Pantanal brasileiro (WOLF et al. 2016) (Figura 6).

1034           As relações filogenéticas inferidas das sequências parciais de 18S rDNA de  
1035 *Hepatozoon* spp. indicam que duas sequências obtidas nesse estudo, *Hepatozoon*  
1036 sp. MT\_Barra do Bugres, MT proveniente de *Neacomys amoneus* e *Hepatozoon* sp.  
1037 MT\_Cuiabá, MT de *Nectomys rattus*, se agrupam em um mesmo clado e se  
1038 relacionam com *Hepatozoon* sp. detectado em carrapato *Ixodes* sp. coletado no  
1039 Chile (MH174345) (MUÑOZ-LEAL et al. 2019) como observado na Figura 6. A  
1040 sequência *Hepatozoon* sp. MT\_Nova Ubiratã, MT ficou em um clado separado das  
1041 demais sequências analisadas.

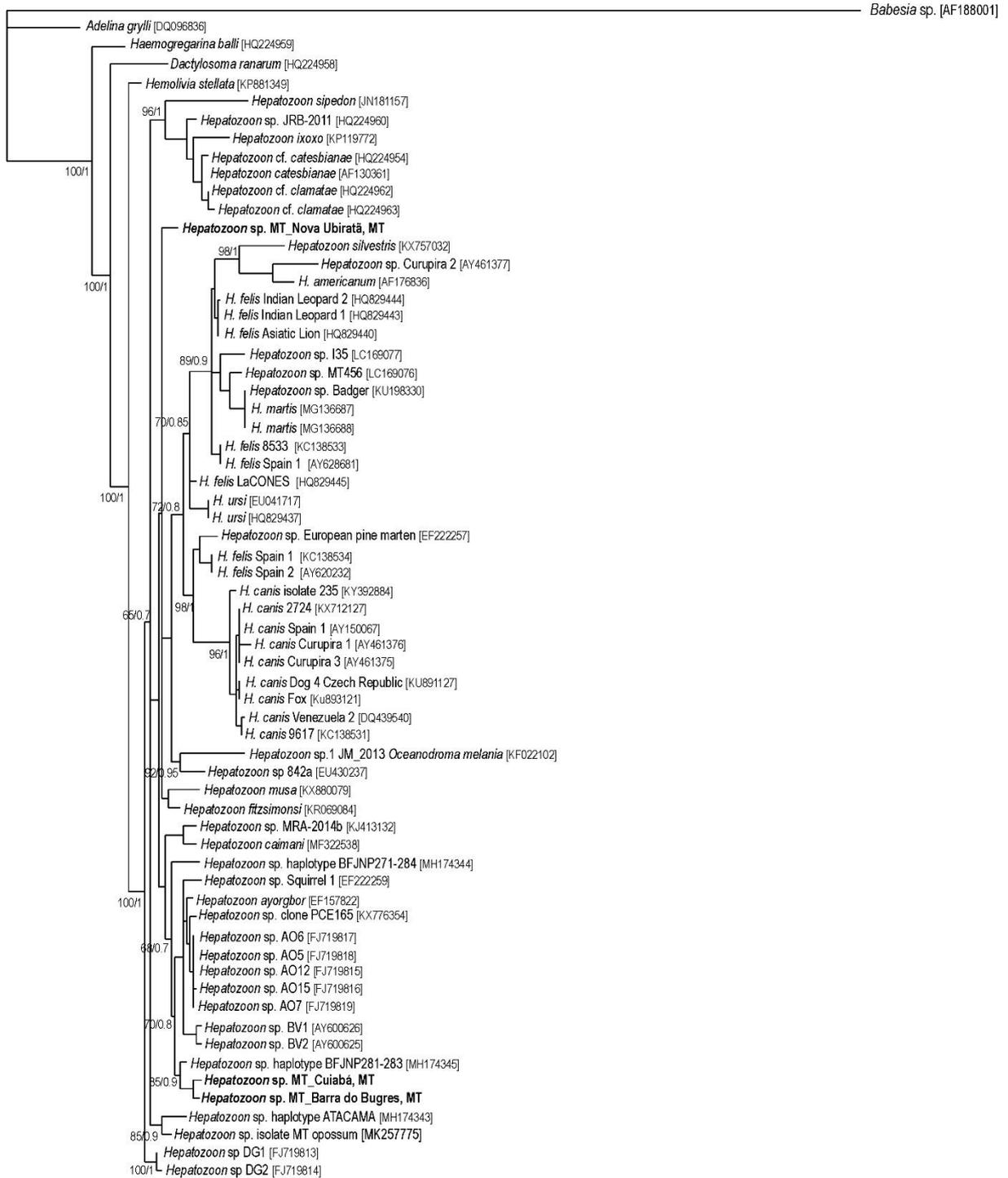
1042



1043 1

1044 **Figura 6:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) e máxima parcimônia para o  
 1045 gene 18S rRNA de sequências parciais de espécies de Piropasmorida provenientes de *T. pachyurus*  
 1046 coletados no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Estado de Mato Grosso,  
 1047 Brasil. Os valores de “bootstrap” são indicados na frente de cada clado.

1048



1049

10

1050

1051

1052

1053

1054

**Figura 7:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) e máxima parcimônia para o gene 18S rRNA de sequências parciais de espécies de *Hepatozoon* sp. provenientes de roedores dos municípios de Barra do Bugres, Cuiabá e Nova Ubiratã, Estado de Mato Grosso, Brasil. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.

1055 **5.4 Carrapatos**

1056

1057 **5.4.1 Parasitismo**

1058

1059           Entre os pequenos mamíferos terrestres avaliados quanto ao parasitismo por  
1060 carrapatos em Barra do Garças, nenhum carrapato foi observado nas espécies  
1061 *Cerradomys* sp., *G. agilis*, *Hylaeamys* sp., *M. domestica*, *Neacomys* sp., *Necomys*  
1062 sp., *Oecomys* sp. e *Thylamys karimii*. Enquanto 21 (18,10%) espécimes de *D.*  
1063 *albiventris* e *T. pachyurus* estavam parasitados, resultando na coleta de 72  
1064 carrapatos do gênero *Amblyomma* (Ixodida: Ixodidae) e 03 *Ornithodoros* (Ixodida:  
1065 Argasidae), conforme mostrado na Tabela 4.

1066 **Tabela 4** – Carrapatos (L: larva; N: ninfa) coletados nos pequenos mamíferos terrestres (roedores e marsupiais) capturados no  
 1067 Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Mato Grosso, Brasil.

Hospedeiro (nº. de indivíduos infestados)	Espécie de carrapato	No. de espécimes por estágio		Pontos de amostragem <sup>a</sup>
		L	N	
<i>Thrichomys pachyurus</i> (4)	<i>Amblyomma</i> sp.	4		1, 9, 17
<i>Didelphis albiventris</i> (1)	<i>Amblyomma auricularium</i>		1	14
<i>T. pachyurus</i> (17)			65	1, 2, 3, 4, 8, 9, 13, 14, 15, 16, 17, 18
<i>T. pachyurus</i> (1)	<i>Amblyomma cajennense</i> sensu stricto		1	8
<i>D. albiventris</i> (1)	<i>Amblyomma coelebs</i>		1	12
<i>T. pachyurus</i> (1)	<i>Ornithodoros guaporensis</i>	3		9
	<b>Total</b>	<b>75 (7L, 68N)</b>		

1068 <sup>a</sup> Pontos de amostragem estão ilustrados na Figura 2.

1069

#### 1070 **5.4.2 Análise morfológica**

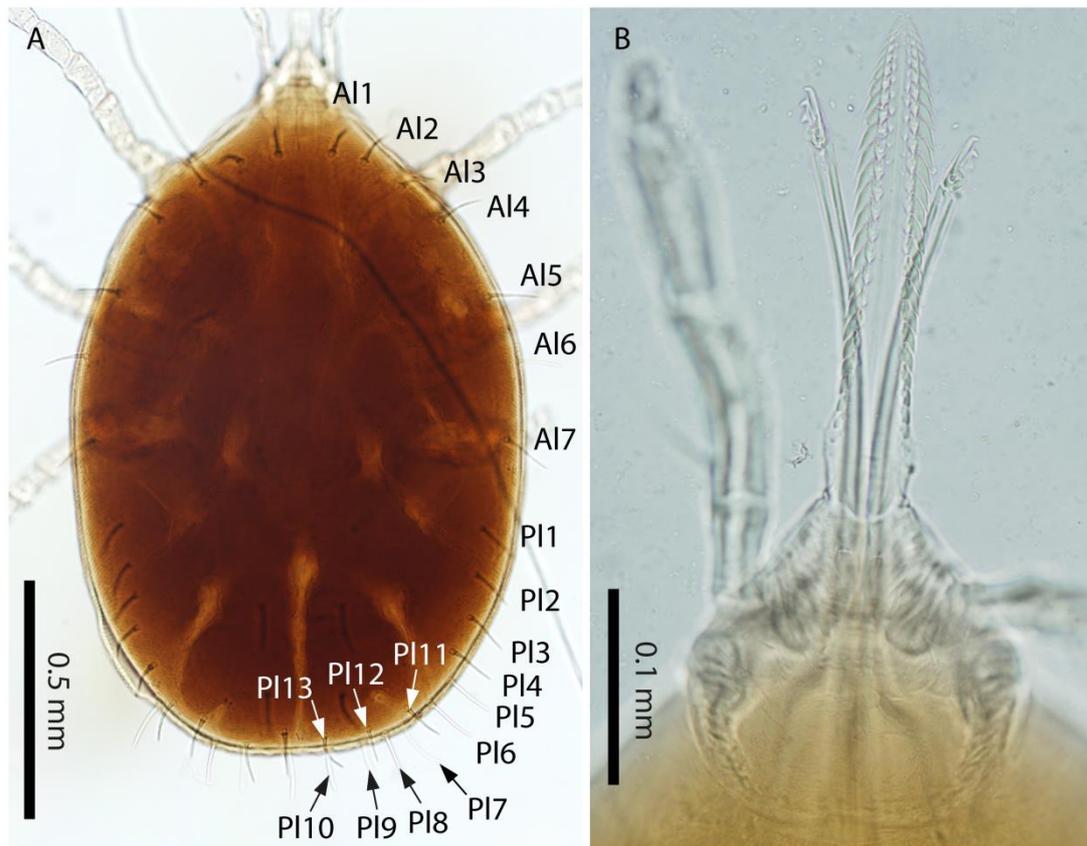
1071

1072 As ninfas foram identificadas por caracteres morfológicos como pertencentes  
1073 às seguintes espécies: *Amblyomma auricularium* (Conil, 1878), *Amblyomma*  
1074 *cajennense* (Fabricius, 1787) sensu stricto (ss) e *Amblyomma coelebs* (Neumann,  
1075 1899). Enquanto quatro larvas da família Ixodidae foram mantidas como  
1076 *Amblyomma* sp.; larvas de argasídeo foram identificadas como um morfotipo  
1077 pertencente ao grupo *Ornithodoros talaje* com base no compartilhamento dos  
1078 seguintes caracteres: placa dorsal piriforme, hipostômio de ápice pontiagudo com  
1079 três fileiras de dentículos (Figura 8).

1080 As comparações de medidas obtidas de duas larvas montadas em lâmina  
1081 coletadas neste estudo, com larvas de *O. guaporensis* e *Ornithodoros cerradoensis*,  
1082 morfológicamente, relacionadas são fornecidas na Tabela 5. Um espécime de  
1083 carrapatos foi depositado na coleção de carrapatos “Coleção Nacional de  
1084 Carrapatos Danilo Gonçalves Saraiva (CNC)” na Universidade de São Paulo, São  
1085 Paulo, Brasil, sob o número CNC-4168.

1086

1087



1088

1089

1090

1091

1092

1093

**Figura 8:** Micrografias ópticas de larvas de *Ornithodoros* sp. coletadas na Barra do Garças. (A) Vista dorsal. (B) Hipostômio. Abreviaturas: AI, cerda anterolateral; PI, cerda posterolateral.

1094 **Tabela 5.** Comparação morfológica e morfométrica (mm) das duas larvas coletadas nesse estudo (CNC-4168) com valores de  
 1095 medidas descritas por Nava et al. (2013) para *Ornithodoros guaporensis* coletados na Bolívia e por Muñoz-Leal et al. (2020) para  
 1096 *Ornithodoros cerradoensis* (morfologicamente próximo).

<b>Características</b>	<b><i>O. guaporensis</i> Barra do Garças 1 (ingurgitada)</b>	<b><i>O. guaporensis</i> Barra do Garças 2 (ingurgitada)*</b>	<b><i>O. guaporensis</i> Nava et al. (2013) (não alimentada)</b>	<b><i>O. cerradoensis</i> Muñoz-Leal et al. (2020) (não alimentada)</b>
Idiossoma: comprimento com capítulo	1,620	-	0,850 (0,823–0,872)	0,778 (0,747–0,809)
Idiossoma: comprimento sem capítulo	1,207	1,319	0,447 (0,421–0,470)	0,446 (0,428–0,468)
Idiossoma: largura	0,853	1,086	0,443 (0,411–0,470)	0,367 (0,347–0,389)
Placa dorsal: comprimento	0,303	0,276	0,290 (0,271–0,305)	0,285 (0,265–0,306)
Placa dorsal: largura	0,239	0,192	0,220 (0,212–0,232)	0,191 (0,176–0,201)
Cerdas dorsolaterais: total de pares	24	24	20	18
Cerdas dorsolaterais: pares posterolaterais	13	13	9	7
Cerdas centrais: total de pares	4	4	4	4
Comprimento médio das cerdas anterolaterais dorsais (sete primeiros)	0,085	0,088	0,090	0,073
Comprimento médio das cerdas posterolaterais dorsais	0,079	0,086	0,090	0,083
Comprimento médio das cerdas dorsais centrais	0,093	0,093	0,089	0,076
Cerdas ventrais	7 pares + par de placa anal presente	7 pares + par de placa anal presente	7 pares + par de placa anal presente	7 pares + par de placa anal presente
Cerdas posteromediais	presentes	Presentes	presentes	presentes
Capítulo: comprimento com hipostômio	0,413	-	0,441 (0,431–0,451)	0,402 (0,393–0,414)

Capítulo: comprimento sem hipostômio	0,160	0,135	0,156 (0,146–0,166)	0,153 (0,145–0,162)
Capítulo: largura	0,165	0,176	0,179 (0,173–0,193)	0,161 (0,157–0,169)
Palpo: comprimento	0,285	0,282	0,324 (0,310–0,332)	0,288 (0,270–0,290)
Hipostômio: comprimento	0,247	-	0,276 (0,268–0,285)	0,248 (0,237–0,258)
Hipostômio: largura da base	0,042	0,045	0,046 (0,044–0,049)	0,033 (0,028–0,038)
Hipostômio: largura média	0,036	-	0,044 (0,041–0,046)	0,035 (0,032–0,044)
Hipostômio: fórmula dental apical	3/3	-	3/3	3/3
Hipostômio: fórmula dental medial	2/2	-	2/2	2/2
Hipostômio: fórmula dental basal	2/2	-	2/2	2/2
Hipostômio: dentículos na fileira 1	26	-	26–27	24–25
Hipostômio: dentículos na fileira 2	25	-	25–26	23–25
Hipostômio: dentículos na fileira 3	11	-	11–12	11–12
Hipostômio: ápice	pontiagudo	-	pontiagudo	pontiagudo
Tarso I: comprimento	0,145	0,137	0,174 (0,168–0,180)	0,162 (0,156–0,170)
Tarso I: largura	0,050	0,047	0,057 (0,056–0,058)	0,054 (0,051–0,064)

### 1098 5.4.3 Análise molecular

1099

1100 O DNA de todas as amostras submetidas à PCR-16S rDNA mitocondrial foi  
1101 amplificado como previsto. Para a detecção molecular da infecção por riquetsioses,  
1102 um total de 72 carrapatos *Amblyomma* [04 larvas e 68 ninfas (66 *A. auricularium*, 1  
1103 *A. cajennense* s.s. e 1 *A. coelebs*)] foram submetidos a uma triagem por PCR.

1104 Dezoito carrapatos (14 ninfas e quatro larvas) foram testados individualmente,  
1105 e 54 ninfas de *A. auricularium* foram testadas em “pools” de três carrapatos cada.  
1106 *Rickettsia amblyommatis* foi detectada em pelo menos oito *A. auricularium* (três  
1107 “pools” e cinco ninfas), e as sequências parciais do gene *ompA* obtidas eram  
1108 idênticas entre si e correspondiam 100% (464/464 bp) às sequências de *R.*  
1109 *amblyommatis* disponíveis no GenBank (MG887828).

1110 Devido à qualidade do DNA amplificado, não foi possível sequenciar os  
1111 produtos amplificados do gene *ompA* obtidos de um indivíduo e de um pool de ninfas  
1112 de *A. auricularium*. Duas sequências de um fragmento do gene *gltA* obtidas a partir  
1113 dessas amostras mostraram-se idênticas entre si e 100% (350/350 bp) idênticas às  
1114 sequências de *R. amblyommatis* (MK257786). Além disso, três sequências parciais  
1115 do gene *gltA* obtidas de pelo menos três *A. auricularium* (um indivíduo e dois pools  
1116 de ninfas) eram idênticas entre si e correspondiam 100% (350/350 bp) com várias  
1117 sequências de *R. bellii* (MK962697, MG550957, KY172868). Os números de acesso  
1118 de todas as sequências de *Rickettsia* spp. obtidas neste estudo foram depositadas  
1119 no GenBank (Tabela 6).

1120 Notavelmente, a análise molecular apontou que larvas de argasídeos  
1121 coletados neste estudo combinaram sequências de *Ornithodoros guaporensis* da  
1122 Bolívia (KC493652) e do Brasil (KT781507) com 98% (416/424 pb, 4 gaps) de  
1123 identidade. A sequência parcial do gene mitocondrial 16S rDNA gerada no presente  
1124 estudo foi depositada no GenBank sob o número de acesso MT038006.

1125 A filogenia construída com sequências mitocondriais 16S rRNA de um  
1126 subconjunto de *Ornithodoros* spp. com distribuição na região Neotropical aponta que  
1127 *Ornithodoros* sp. coletado no município de Barra do Garças forma um grupo  
1128 monofilético com *O. guaporensis* da Bolívia e do Brasil, com alto suporte estatístico  
1129 (probabilidade posterior 1; Figura 9).

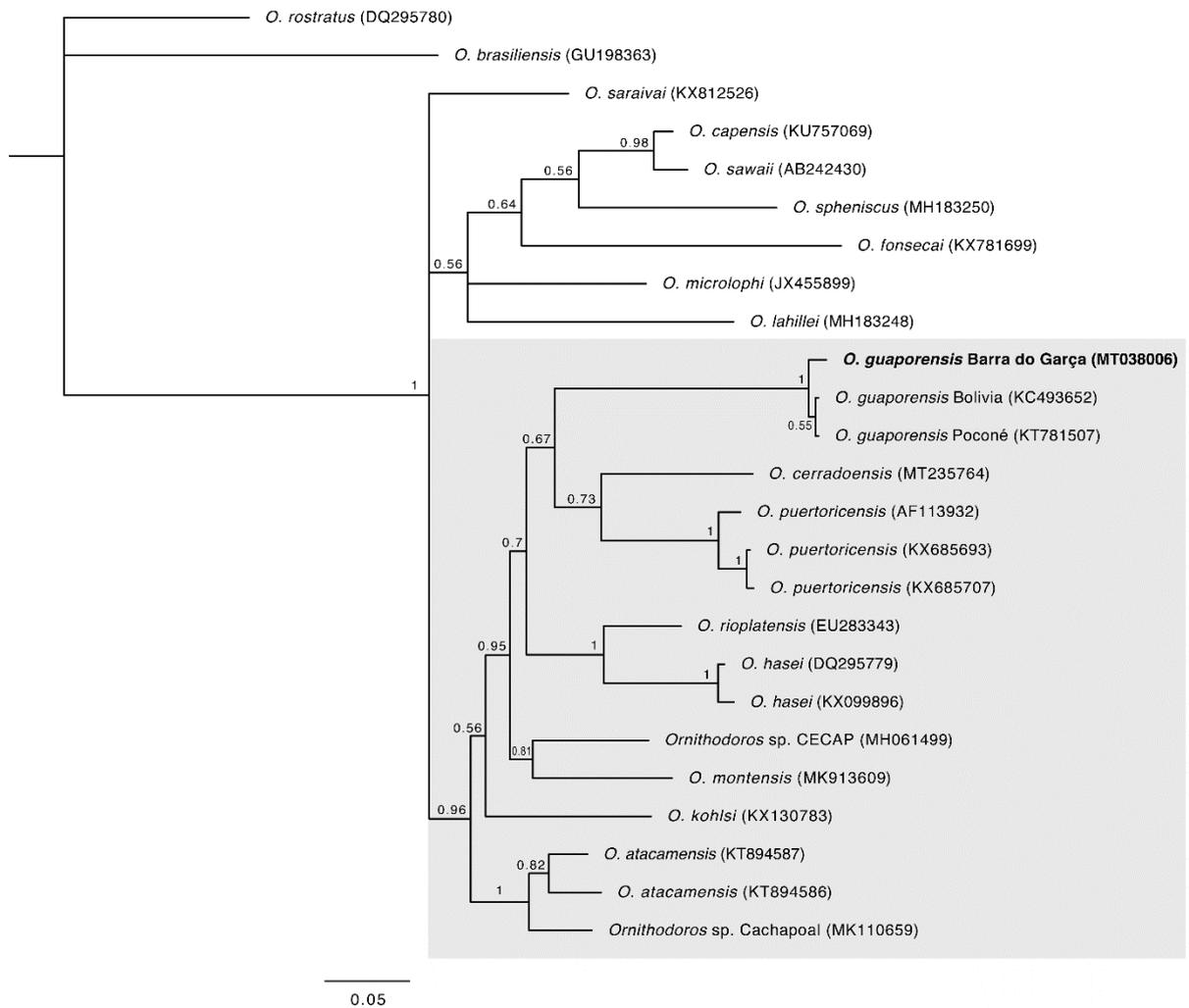
1130

1131 **Tabela 6.** Resultados positivos para detecção molecular de *Rickettsia* em ninfas de  
 1132 *Amblyomma auricularium* coletadas em pequenos mamíferos (roedores e  
 1133 marsupiais) no Parque Estadual da Serra Azul, município de Barra do Garças, Mato  
 1134 Grosso, Brasil.

Hospedeiro	Ponto de amostragem <sup>a</sup>	No. de positivos/No. de testados (%)	<i>Rickettsia</i> spp. (gene: número de acesso)
ORDER DIDELPHIMORPHIA			
Família Didelphidae			
<i>Didelphis albiventris</i>	14	1/2 (50)	<i>Rickettsia bellii</i> isolado PESA-MT. ( <i>gltA</i> : MT038007)
ORDER RODENTIA			
Família Echimyidae			
<i>Thrichomys pachyurus</i>	1, 4, 8, 9, 13	6/70 (8.57) <sup>b</sup>	<i>Rickettsia amblyommatis</i> isolado PESA-MT. ( <i>ompA</i> : MT038009)
	13, 14	2/70 (2.86) <sup>b</sup>	<i>R. amblyommatis</i> isolado PESA-MT. ( <i>gltA</i> : MT038008)
	9, 13	2/70 (2.86) <sup>b</sup>	<i>R. bellii</i> isolado PESA-MT. ( <i>gltA</i> : MT038007)
Total		11/72 (15.28) <sup>b</sup>	

1135 <sup>a</sup>Pontos de amostragem estão ilustrados na Figura 2.

1136 <sup>b</sup>Os resultados referem-se à taxa mínima de infecção porque os carrapatos positivos para PCR  
 1137 incluíram seis conjuntos de 3 ninfas de *A. auricularium*.



1138

1139

1140

1141

1142

1143

1144

**Figura 9:** Filogenia inferida pelo método de inferência bayesiana (BI) para um subconjunto de *Ornithodoros* spp. usando sequências parciais do gene mitocondrial 16S rRNA do carrapato. A posição de *Ornithodoros guaporensis* de Barra do Garças está destacada em negrito. A cor cinza no fundo indica representantes do grupo *Ornithodoros talaje*. Os valores de bootstrap são indicados na frente de cada clado.

## 1145 **6 DISCUSSÃO**

1146

### 1147 **6.1 *Bartonella* spp.**

1148

1149       Através desse estudo, a ocorrência e caracterização molecular de  
1150 *Bartonella* spp. foi descrita em 23 pequenos mamíferos voadores, reforçando a  
1151 circulação dessas bactérias entre os morcegos no estado de Mato Grosso.  
1152 Considerando a ocorrência de *Bartonella* spp. apenas entre os morcegos, o  
1153 valor de 16,31% encontrado está dentro dos resultados já observados no país,  
1154 considerando uma variação de 3,6% no Rio de Janeiro (GONÇALVES DE  
1155 OLIVEIRA et al., 2020) a 18,5% nos estados de Bahia, Santa Catarina e Rio de  
1156 Janeiro (FERREIRA et al., 2018). André et al. (2019) encontraram, ao  
1157 estudarem exclusivamente espécies hematófagas em diferentes estados  
1158 brasileiros, um valor de ocorrência superior ao nosso, de 24,51%. Entretanto,  
1159 André et al. (2019) descreveram 30% de morcegos *D. rotundus* de Mato  
1160 Grosso positivos na qPCR baseada no gene *nuoG*, assim, o presente estudo  
1161 corrobora com tais resultados, uma vez que 33% (2/6) morcegos hematófagos  
1162 foram positivos.

1163       A respeito de estudos em outros países da América Latina, os valores  
1164 encontrados foram ligeiramente maiores, variando de 22,7% a 38% na Costa  
1165 Rica, Guatemala, México e Peru (BAI et al., 2012; JUDSON et al., 2015; WRAY  
1166 et al., 2016 e STUCKEY et al., 2017b).

1167       Para o gênero *Bartonella*, as características fenotípicas não são  
1168 suficientes para a caracterização abrangente de tantas espécies descritas nos  
1169 últimos anos, nesse sentido, La Scola et al. (2003) propuseram que para um  
1170 genótipo ser atribuído a uma nova espécie, é necessário partir do ponto de  
1171 corte de similaridade entre sequências de cinco genes (16S rRNA, *gltA*, *groEL*,  
1172 *rpoB*, *ftsZ*, *ribC*) e de uma região intergênica (ITS). Apesar desse estudo ter  
1173 gerado apenas sequências de dois genes (*rpoB* e *gltA*) da amostra de sangue  
1174 de *L. silvicolum*, tais genes são justamente os que apresentam maior poder  
1175 discriminatório a nível de espécie (LA SCOLA et al., 2003), além do gene *gltA*  
1176 ser o mais comumente sequenciado (FRANK et al., 2018).

1177       Nesta perspectiva, considerando a baixa identidade das sequências  
1178 produzidas baseadas nos genes *rpoB* e *gltA*, a partir do sequenciamento de um

1179 fragmento de DNA de 608 pb (gene *rpoB*) e 630 pb (gene *gltA*) de amostra de  
1180 um espécime de *L. silvicolum*, com as demais previamente descritas no  
1181 GenBank, propõe-se um novo genótipo de *Bartonella* que tenha o morcego *L.*  
1182 *silvicolum* como hospedeiro. Porém, mais estudos são necessários para  
1183 caracterizar melhor esse genótipo diferente, como análises baseadas em mais  
1184 genes, avaliação de patogenicidade e isolamento em cultura.

1185 Ikeda et al. (2017) descreveram a espécie de morcego *C. perspicillata*  
1186 com maior positividade para *Bartonella* spp, em amostras do Pará e Tocantins.  
1187 No presente estudo, a mesma espécie *C. perspicillata* apresentou o maior  
1188 número de espécimes positivos corroborando com o estudo acima citado.  
1189 Amaral et al. (2018) observaram ao estudarem moscas *Strebliidae* coletadas de  
1190 quirópteros, que a maioria das moscas com resultados positivos para detecção  
1191 molecular de *Bartonella* foram coletadas de *C. perspicillata*, o que pode estar  
1192 relacionado a referida espécie de morcego ser a mais parasitada por *Bartonella*  
1193 spp. Quanto a espécie *G. soricina*, já foi relatada como segunda espécie com  
1194 maior positividade (IKEDA et al., 2017), porém apesar de ser a segunda  
1195 espécie mais numerosa entre as analisadas, apenas um espécime foi positivo  
1196 (9,09%), representando então a espécie com menor positividade nesse estudo.  
1197 Além disso, o presente estudo traz a primeira descrição de *Bartonella* spp. em  
1198 *L. silvicolum*, *M. nigricans*, *P. elongatus* e *P. rubiginosus*, expandindo o  
1199 conhecimento sobre possíveis novos hospedeiros dessas bactérias.

1200 Acerca do posicionamento filogenético das sequências de *Bartonella*  
1201 spp. geradas a partir de quirópteros do estado de Mato Grosso, a maioria foi  
1202 alocada em clados dos quais faziam parte genótipos de *Bartonella* spp.  
1203 detectados em quirópteros da Costa Rica, Guiana Francesa e Peru.

1204 Tal proximidade com genótipos da América Latina foi previamente  
1205 descrito por Ikeda et al. (2017) nas análises das amostras obtidas de morcegos  
1206 *C. perspicillata*, *G. soricina*, *Sturnira lilium*, *Natalus espirosantensis* e *P.*  
1207 *hastatus*. Esse padrão de distribuição dos genótipos relacionados corrobora  
1208 com estudo de Frank et al. (2018) que perceberam que os genótipos de  
1209 *Bartonella* spp. intimamente relacionados estavam geralmente nas mesmas  
1210 regiões geográficas, seja a nível de continente no qual o genótipo estaria  
1211 isolado ou ainda no Velho Mundo versus Novo Mundo.

1212 Os genótipos de *Bartonella* spp. encontrados em três morcegos *C.*  
1213 *perspicillata* coletados no município de São José do Rio Claro foram  
1214 filogenicamente analisados com base no gene *gltA* e um deles posicionou-se  
1215 distante dos outros dois genótipos da mesma espécie hospedeira, alocando-se  
1216 próximo aos genótipo de *Bartonella* spp. detectados em morcegos também da  
1217 espécie *C. perspicillata*, mas descritos na Costa Rica. Esses achados sugerem  
1218 que diferentes genótipos de *Bartonella* spp. circulam nos morcegos *C.*  
1219 *perspicillata* amostrados em Mato Grosso.

1220 Adiciona-se que, a detecção de genótipos de *Bartonella* spp. nesse  
1221 estudo ocorreu majoritariamente em espécies da família Phyllostomidae, com  
1222 as sequências obtidas sendo próximas às sequências identificadas em  
1223 morcegos da mesma família. Nesse contexto, as análises filogenéticas no gene  
1224 *gltA* mostram genótipos altamente relacionados entre um morcego *R. pumilio* e  
1225 outro *D. rotundus*, evidenciando que um mesmo genótipo de *Bartonella* spp.  
1226 está infectando espécies diferentes de quirópteros dentro da mesma família  
1227 *Phyllostomidae*.

1228

## 1229 **6.2 Coxiella burnetii**

1230

1231 Todos os animais analisados foram negativos para *C. burnetii*. A  
1232 dificuldade em detectar DNA de *C. burnetii* pode estar relacionada à uma  
1233 verdadeira ausência de circulação da bactéria entre os animais testados nesse  
1234 estudo. O total de 66,8% das amostras avaliadas nessa pesquisa foram de  
1235 obtidas de tecidos (baço, fígado e pulmão) e a detecção molecular de *C.*  
1236 *burnetii* em tecido animal no país é baixa (ALMEIDA et al., 2012; COLLE et al.,  
1237 2019; DE OLIVEIRA et al., 2020), sendo os poucos relatos já feitos em cabras  
1238 (OLIVEIRA et al., 2018), cães, bovinos (MARES-GUIA et al., 2014), em  
1239 roedores (ROZENTAL et al., 2017) e em morcegos (FERREIRA et al., 2018).

1240 Ferreira et al. (2018) ao estudarem morcegos no Brasil, encontraram  
1241 uma positividade de 3,4%. Nesse sentido, apesar do presente estudo ter  
1242 analisado um maior número de animais (141) que Ferreira et al. (2018), é  
1243 possível que nosso resultado negativo seja devido a baixa concentração de  
1244 DNA da bactéria nas amostras e também possa ser justificado pela técnica  
1245 utilizada de PCR convencional ser menos sensível que a *Nested* PCR utilizada

1246 por eles, corroborando com De Oliveira et al. (2020) que usaram PCR  
1247 convencional e tiveram resultados negativos em todas as amostras (cães,  
1248 roedores, marsupiais e carnívoros), enquanto MÜLLER et al. (2020) relatam  
1249 9% de morcegos positivos para *C. burnetii* no Chile com uso de qPCR, técnica  
1250 que é mais sensível.

1251 Vale ressaltar que as pesquisas com resultados positivos foram  
1252 majoritariamente realizadas em animais de área de Mata Atlântica (MARES-  
1253 GUIA et al., 2014; ROZENTAL et al., 2017; FERREIRA et al., 2018), sendo  
1254 escassos os relatos no restante do país (COLLE et al., 2019; DE OLIVEIRA et  
1255 al. 2020).

1256 Os morcegos positivos para *C. burnetii* encontrados no Rio de Janeiro,  
1257 Bahia e Santa Catarina foram do gênero *Artibeus* (*A. literatus* e *A. fimbriatus*)  
1258 (FERREIRA et al., 2018), e a não detecção de DNA de *C. burnetii* em animais  
1259 da mesma espécie *A. literatus* em Mato Grosso pode sugerir que estes  
1260 morcegos não representem importantes elos epidemiológicos da *C. burnetii* no  
1261 Estado.

1262

### 1263 **6.3 Babesia spp. e Hepatozoon spp.**

1264

1265 Um único haplótipo de *Babesia* sp. foi encontrado nesse estudo entre  
1266 roedores *T. pachyurus*, reforçando a importância desse animal como  
1267 hospedeiro, uma vez que essa associação parasita-hospedeiro já foi  
1268 previamente descrita no Pantanal brasileiro (WOLF et al., 2016). Além disso,  
1269 até o momento tem se descrito apenas sequências do gene 18S desse  
1270 haplótipo, evidenciando a necessidade de mais pesquisas incluindo dados  
1271 morfológicos e aspectos biológicos dessa *Babesia* sp.

1272 As descrições de roedores portando diversas espécies de *Babesia* são  
1273 frequentes em outros países, ressaltando o envolvimento desses animais na  
1274 epidemiologia de *Babesia* spp., como relatado por Bajer et al. (2014) no Egito,  
1275 Obiegala et al. (2015) na Alemanha, Gao et al. (2017) na China e Eslováquia  
1276 (HAMŠÍKOVÁ et al., 2016).

1277 Ademais, nos Estados Unidos, casos de babesiose humana são  
1278 relatados, por *B. divergens* (HERWALDT et al., 2004) e predominantemente  
1279 por *Babesia microti*, um protozoário que infecta roedores (ROCCO et al., 2019).

1280 A babesiose causada por *B. microti* tem gravidade variável, pode ser  
1281 assintomática, o que é mais comum em pessoas saudáveis, e até fatal, mais  
1282 frequentemente em pessoas com mais de 50 anos de idade (VANNIER et al.,  
1283 2015). No Brasil, o caso mais recente de babesiose em humanos, e descrito  
1284 como *B. microti* sendo o agente etiológico, foi diagnosticado por microscopia de  
1285 esfregaço de sangue periférico (SERRA-FREIRE, 2014) e até os dias atuais  
1286 não há casos confirmados molecularmente do hemoparasita em humanos no  
1287 país.

1288 Todos os morcegos e marsupiais foram negativos na pesquisa de  
1289 protozoários da Ordem Piroplasmorida. Embora *Babesia* sp. já tenha sido  
1290 descrita em morcegos (HAN et al., 2018), no Brasil ainda não há descrição  
1291 (SANTOS et al., 2020). Além disso, a detecção de DNA de *Babesia* spp. em  
1292 marsupiais é pouco frequente no país (WOLF et al., 2016; SOARES et al.,  
1293 2017; COLLE et al., 2019), assim, esses resultados sugerem que esses  
1294 animais não representem importantes reservatórios para esse protozoário na  
1295 área de estudo.

1296 Todos os morcegos desse estudo foram negativos para *Hepatozoon*  
1297 spp. Resultados como o esse, vão ao encontro de estudos como o de Perles et  
1298 al. (2020) que ao analisar amostras sanguíneas de 135 morcegos, encontraram  
1299 uma baixa ocorrência, apenas 3% de positivos na detecção molecular. De  
1300 maneira geral, a detecção de *Hepatozoon* spp. em morcegos no país é  
1301 escassa, com relato apenas em *Sturnira liliium* (TORRES et al., 1983), *C.*  
1302 *perspicillata*, *A. lituratus* (SANTOS et al., 2020), *A. planirostris* e *Platyrrhinus*  
1303 *lineatus* (PERLES et al., 2020). Ainda, Perles et al. (2020) não encontraram  
1304 morcegos positivos na microscopia de amostras hepáticas e sanguíneas e  
1305 diante de todos esses resultados somada a não detecção do protozoário na  
1306 presente pesquisa, é possível sugerir que as espécies de morcegos  
1307 amostradas neste estudo tenham um papel limitado como reservatórios de  
1308 *Hepatozoon* spp. nas localidades estudadas.

1309 Nesse estudo, a maior parte (71%) dos morcegos foram analisados a  
1310 partir de amostra de sangue, nesse sentido o tecido animal pode ter  
1311 influenciado os resultados, uma vez que Santos et al. (2020) descreveram que  
1312 das sete amostras de morcegos identificadas com DNA de *Hepatozoon* sp.,  
1313 apenas uma era amostra de sangue e as outras seis de baço. Também, em

1314 pesquisa na qual foi identificado DNA de *H. canis* em raposas (*Vulpes vulpes*),  
1315 Levi et al. (2018) mostraram que o baço das raposas foi um tecido melhor para  
1316 a detecção do que o sangue, com 26% de ocorrência através de amostras de  
1317 sangue *versus* 67% de amostras esplências.

1318 Quanto a detecção molecular em pequenos roedores, a ocorrência é de  
1319 1,8%, o que é um resultado consideravelmente menor quando comparada a  
1320 outros estudos que variaram de 15 a 55,2% no país (DEMONER et al., 2016;  
1321 SOUSA et al., 2017; PERLES et al., 2019). Entretanto, está dentro do  
1322 esperado quando se considera estudos feitos no Estado, que tiveram valores  
1323 de ocorrências mais baixos, como de Colle et al. (2019) no qual nenhum roedor  
1324 foi positivo e de Wolf et al. (2016) com apenas 7%.

1325 *Hepatozoon* foi encontrado em roedores das espécies *N. amoenus*, *N.*  
1326 *Rattus* e *H. megacephalus* e mesmo que *Hepatozoon* já foi descrito em  
1327 diversas espécies de roedores (DEMONER et al., 2016; WOLF et al., 2016;  
1328 SOUSA et al., 2017; DEMONER et al., 2019; PERLES et al., 2019), até onde  
1329 se sabe, esse é o primeiro estudo que relata *N. amoenus* como hospedeiro de  
1330 *Hepatozoon* sp.

1331 Quanto a diversidade genética, Sousa et al. (2017) ao analisarem  
1332 roedores silvestres no Pantanal de Mato Grosso do Sul mostraram que  
1333 haplótipos de *Hepatozoon* parecem apresentar maior grau de polimorfismo nos  
1334 roedores quando comparados aos encontrados em outros grupos de animais e  
1335 Perles et al. em 2019 demonstraram a grande diversidade de haplótipos (seis)  
1336 de *Hepatozoon* que roedores podem apresentar em todos os biomas  
1337 brasileiros. Além de dois genótipos distintos de *Hepatozoon* (*Hepatozoon* sp.  
1338 genótipo Rodent SP-1 e *Hepatozoon* sp. Genótipo Rodent SP-2) em roedores  
1339 de São Paulo (DEMONER et al., 2016) e *Hepatozoon milleri* sp. em *A.*  
1340 *montensis*, (DEMONER et al., 2019). Com base nas análises filogenéticas, três  
1341 haplótipos diferentes foram encontrados nesse estudo, dois deles próximos a  
1342 *Hepatozoon* já descrito em roedores (DEMONER et al., 2016; SOUSA et al.,  
1343 2017) e um terceiro haplótipo, detectado em *H. megacephalus* que pode  
1344 corresponder a uma nova espécie.

1345 O agrupamento de sequências de *Hepatozoon* spp. de roedores com  
1346 *Hepatozoon* detectados em répteis foi demonstrado por Perles et al. (2019),  
1347 nesse contexto, o haplótipo denominado aqui de *Hepatozoon* sp. MT\_Nova

1348 Ubitatã, MT apresentou homologia com *Hepatozoon* encontrado em serpentes,  
1349 o que pode sugerir ou reforçar que roedores sejam potenciais fonte de infecção  
1350 para predadores silvestres, como esses répteis.

1351 Apesar de DNA de esse protozoário ter sido detectado apenas em  
1352 roedores na presente pesquisa, marsupiais também são hospedeiros de  
1353 *Hepatozoon* spp. no Brasil, uma vez que DNA de *Hepatozoon* foi identificado  
1354 em *D. albiventris* em São Paulo (SILVA et al., 2017), em *T. macrurus* em Mato  
1355 Grosso do Sul (SOUSA et al., 2017) e *D. albiventris* em Mato Grosso (COLLE  
1356 et al., 2019).

1357

#### 1358 **6.4 Carrapatos**

1359

1360 O presente estudo relata a infecção por riquetsioses em carrapatos que  
1361 infestam pequenos mamíferos de vida livre capturados no Parque Estadual da  
1362 Serra Azul no estado de Mato Grosso, centro-oeste do Brasil, com descrição de  
1363 primeira ocorrência de *O. guaporensis* no bioma Cerrado. *Ornithodoros*  
1364 *guaporensis* foi descrito pela primeira vez no bioma amazônico na Bolívia  
1365 (NAVA et al., 2013) a partir de uma fissura rochosa habitada por morcegos e,  
1366 mais recentemente, foi relatado no Brasil infestando *M. domestica* e *T.*  
1367 *pachyurus* no bioma Pantanal, estado de Mato Grosso (WOLF et al. 2016).  
1368 Nossos resultados expandem a distribuição desta espécie de carrapato para o  
1369 bioma Cerrado e reforçam o papel do *T. pachyurus* como hospedeiro.

1370 O número de cerdas posterolaterais dorsais parece ser uma  
1371 característica variável em *O. guaporensis*, uma vez que quatro pares adicionais  
1372 foram encontrados nas larvas coletadas no município de Barra do Garças em  
1373 comparação com larvas de espécimes-tipo da Bolívia (Figura 6, Tabela 5).  
1374 Nossos resultados sustentam uma plasticidade fenotípica pouco estudada em  
1375 larvas de *Ornithodoros* spp., e destacam a importância de abordar a taxonomia  
1376 de carrapatos moles com análises morfológicas e moleculares. Digno de nota,  
1377 *O. guaporensis* é caracterizado por ter um longo hipostômio [0,276 mm (0,268–  
1378 0,285)] (NAVA et al., 2013). No entanto, o único espécime de Barra do Garças  
1379 para o qual foi possível obter medidas tinha um hipostômio mais curto (0,247  
1380 mm), semelhante ao de *O. cerradoensis*, uma espécie morfológicamente  
1381 próxima que também parasita roedores *Thrichomys* (MUÑOZ-LEAL et al.,

1382 2020) (Figura 6, Tabela 5). Embora Muñoz-Leal et al. (2020) demonstraram  
1383 que *O. guaporensis* da Bolívia e *O. cerradoensis* eram incompatíveis do ponto  
1384 de vista reprodutivo, híbridos entre as duas espécies não devem ser  
1385 descartados. Embora as distribuições sobrepostas de ambas as espécies não  
1386 tenham sido descritas, e o rio Araguaia apresentando-se como uma grande  
1387 barreira natural entre as duas populações, e apenas ~200 km separando as  
1388 localidades-tipo de *O. cerradoensis* no estado de Goiás de *O. guaporensis* em  
1389 Barra do Garças.

1390 Notavelmente, a análise filogenética aponta que *O. guaporensis* em  
1391 Barra do Garças se agrupa com *O. guaporensis* do Pantanal e da Bolívia;  
1392 entretanto, o valor de suporte para o clado é baixo, mostrando que a relação  
1393 não está bem estabelecida e mostra a necessidade de estudos futuros  
1394 incluindo um número maior de amostras ou mesmo novos marcadores  
1395 moleculares (Figura 7).

1396 Entre as espécies de carrapatos do complexo *A. cajennense*, apenas *A.*  
1397 *cajennense* s.s. e *Amblyomma sculptum* tem distribuição no Brasil (MARTINS  
1398 et al., 2016a). Na verdade, *A. cajennense* s.s. ocorre no bioma Amazônico e  
1399 áreas de transição com o Cerrado, enquanto *A. sculptum* é comumente  
1400 distribuído por todo o Cerrado, Pantanal e biomas degradados da Mata  
1401 Atlântica. Ainda assim, estágios imaturos de carrapatos do complexo *A.*  
1402 *cajennense* foram relatados em pequenos mamíferos não-voadores em todo o  
1403 país, incluindo registros no estado de Mato Grosso, como *A. sculptum* em  
1404 *Didelphis albiventris* no bioma Pantanal (WOLF et al., 2016), e *A. cajennense*  
1405 ss em *D. marsupialis* e *Caluromys philander* no bioma Amazônia (COLLE et al.,  
1406 2020). Além disso, o registro de ninfa de *A. cajennense* s.s. coletado sobre *T.*  
1407 *pachyurus* do bioma Cerrado (savana brasileira) deste estudo corresponde a  
1408 uma nova associação parasita-hospedeiro.

1409 *Amblyomma coelebs* é amplamente distribuído no país, com registros  
1410 nos estados do Acre, Espírito Santo, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas  
1411 Gerais, Pará, Paraná, Rondônia, Roraima e São Paulo (GUIMARÃES et al.,  
1412 2001; LABRUNA et al., 2002; 2004; ARZUA et al., 2005; SARAIVA et al., 2012).  
1413 A associação de ninfas de *A. coelebs* com *D. albiventris* observada neste  
1414 estudo já foi descrita (WITTER ET AL. 2016; GOMES DE SÁ et al., 2018).  
1415 Embora adultos de *A. coelebs* infestem *Tapirus* sp. (LABRUNA et al., 2010),

1416 estágios imaturos podem parasitar uma grande variedade de pequenos  
1417 mamíferos, pássaros, carnívoros e até mesmo humanos (GARCIA et al., 2015;  
1418 SPONCHIADO et al., 2015; OGRZEWALSKA e PINTER, 2016; WITTER et al.,  
1419 2016; COLLE et al., 2020).

1420 *Amblyomma auricularium* foi a espécie mais abundante, representando  
1421 mais de 86% dos carrapatos coletados neste estudo. Hospedeiros comuns de  
1422 larvas, ninfas e adultos para esta espécie de carrapato são os tatus (Cingulata:  
1423 Dasypodidae) (GUGLIELMONE et al., 2014; NAVA et al., 2017; MAIA et al.,  
1424 2018). No entanto, também há registros de estágios imaturos em aves, répteis  
1425 e mamíferos (GUGLIELMONE et al., 2014; NAVA et al., 2017), incluindo  
1426 pequenos roedores e marsupiais (GUGLIELMONE et al., 2003; DANTAS-  
1427 TORRES et al., 2010; HORTA et al. 2011). Neste estudo, ninfas de *A.*  
1428 *auricularium* foram encontradas principalmente parasitando *T. pachyurus*, o  
1429 que está de acordo com estudos anteriores que relataram roedores do gênero  
1430 *Thrichomys* como hospedeiros dessas ninfas no Rio Grande do Norte  
1431 (PEREIRA et al. 2017) e na Bahia. (MAIA et al., 2018). Além disso, Barbieri et  
1432 al. (2019) observaram ninfas de *A. auricularium* em *Thrichomys aperoides* no  
1433 estado de Minas Gerais. Apesar de *A. auricularium* estar amplamente  
1434 associada a roedores do gênero *Thrichomys*, aqui relatamos o primeiro registro  
1435 destas ninfas em *T. pachyurus*. Finalmente, o registro de uma ninfa de *A.*  
1436 *auricularium* em *D. albiventris* é esperado, e corrobora com os registros de  
1437 estágios imaturos de seu carrapato em outros taxa marsupiais (ou seja, *D.*  
1438 *albiventris*, *M. domestica* e *G. agilis*) (HORTA et al., 2011; PAIVA et al., 2017;  
1439 MAIA et al., 2018; BARBIERI et al., 2019).

1440 *Rickettsia amblyommatis* e *R. bellii* foram detectadas apenas em  
1441 carrapatos *A. auricularium*. *R. amblyommatis* é a espécie mais prevalente do  
1442 grupo da febre maculosa, ocorrendo em várias espécies de carrapatos do  
1443 gênero *Amblyomma* e se destacando por sua ampla distribuição no continente  
1444 americano (SOARES et al., 2015; ACOSTA et al., 2016; KARPATY et al.,  
1445 2016; LUZ et al., 2017; AGUIRRE et al., 2018; AMORIM FILHO et al., 2018;  
1446 LOPES et al., 2018; SILVA et al., 2018c; GRUHN et al., 2019), infectando  
1447 carrapatos do gênero *Amblyomma*, como *A. coelebs* (SILVEIRA et al., 2015),  
1448 *A. geayi* (AMOÊDO-LIMA et al., 2018), *A. humerale*, *A. longirostre* (SOARES et  
1449 al., 2015), *A. neumanni* (LABRUNA et al., 2007); *A. oblongoguttatum*

1450 (AGUIRRE et al., 2018), *A. parkeri*, *A. pseudoconcolor* (SILVA et al., 2018c), *A.*  
1451 *scalpturatum*, *A. cajennense* s.s. (COLLE et al., 2020) e *A. sculptum* (ALVES et  
1452 al., 2014). Apesar de ser amplamente difundido no gênero *Amblyomma*, *R.*  
1453 *amblyomattis* não foi confirmado como patogênico para humanos até agora  
1454 (APPERSON et al., 2008; DELISLE et al., 2016). Ainda assim, registros de  
1455 soroconversão em cães (COSTA et al., 2017) e coelhos (SARAIVA et al., 2013)  
1456 sugerem que *R. amblyomattis* pode ser transmitida por parasitismo de  
1457 carrapatos.

1458 *Rickettsia bellii* foi detectada em carrapatos *A. auricularium* coletados em  
1459 *D. albiventris* e *T. pachyurus*. *Rickettsia bellii* já foi detectada em carrapatos do  
1460 complexo *A. cajennense* (possivelmente *A. cajennense* ss) no estado de Mato  
1461 Grosso (LOPES et al., 2014), em espécimes de carrapatos coletados na  
1462 vegetação do município de Comodoro, uma área de transição entre os biomas  
1463 Amazônia e Cerrado. Embora evidências sorológicas de infecção natural por *R.*  
1464 *bellii* tenham sido relatadas em capivaras (PACHECO et al., 2007) e em  
1465 mamíferos selvagens (COELHO et al., 2016), qualquer papel patogênico desta  
1466 bactéria em animais ou humanos parece improvável.

1467

1468

1469

1470

1471

1472

1473

1474

1475

1476

1477

1478

1479

1480

1481

1482

1483

1484 **7 CONCLUSÃO**

1485

- 1486 • DNA do gênero *Hepatozoon* em sangue e baço de roedores silvestres
- 1487 • Um haplótipo de *Babesia* spp. em *T. pachyurus* em área de Cerrado
- 1488 • Ocorrência de *R. amblyommatis* e *R. bellii* em *A. auricularium*
- 1489 • Primeira descrição de *Bartonella* spp. em morcegos das espécies *L.*  
1490 *silvicolum*, *M. nigricans*, *P. elongatus* e *P. rubiginosus*; uma possível nova  
1491 espécie de *Bartonella* em morcego *L. silvicolum*
- 1492 • Primeiro relato de DNA de *Hepatozoon* sp. em *Neacomys amoenus*
- 1493 • Diferenças morfológicas entre *O. guaporensis* desse estudo e os  
1494 espécimes já descritos
- 1495 • Expansão da área de ocorrência de argasídeo *O. guaporensis* no bioma  
1496 Cerrado
- 1497 • Primeira descrição de ninfas de *A. cajennense* s.s. e *A. auricularium*  
1498 parasitando roedores *T. pachyurus*.

1499

1500

1501

1502

1503

1504

1505

1506

1507

1508

1509

1510

1511

1512

1513

1514

1515

## 1516 REFERÊNCIAS

1517

1518 ACOSTA, I.C.L., MARTINS, T.F., MARCILI, A., SOARES, H.S., KRAWCZAK,  
1519 F.S., VIEIRA, F.T., LABRUNA, M.B. Ticks (Acari: Ixodidae, Argasidae)  
1520 from humans, domestic and wild animals in the state of Espírito Santo,  
1521 Brazil, with notes on rickettsial infection. **Veterinary Parasitology:  
1522 Regional Studies and Reports**, v. 3-4, 66–69, 2016.

1523 AGUIRRE, A.A.R., GARCIA, M.V., COSTA, I.N.D., CSORDAS, B.G.,  
1524 RODRIGUES, V.D.S., MEDEIROS, J.F., ANDREOTTI, R. New records  
1525 of tick-associated spotted fever group Rickettsia in an Amazon-Savannah  
1526 ecotone, Brazil. **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 9, n. 4, p. 1038-1044,  
1527 2018.

1528 ALMEIDA, A.P., MARCILI, A., LEITE R.C., NIERI-BASTOS F.A., DOMINGUES  
1529 L.N., MARTINS J.R., LABRUNA M.B. *Coxiella* symbiont in the tick  
1530 *Ornithodoros rostratus* (Acari: Argasidae). **Ticks Tick Borne Diseases**,  
1531 v. 3, p. 203– 206, 2012. doi:10.1016/j.ttbdis.2012.02.003.

1532 ALTSCHUL, S.F., GISH, W., MILLER, W., MYERS, E. W., LIPMAN, D.J. Basic  
1533 local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology**, v. 215, p.  
1534 403–10, 1990.

1535 ALVES, A.S., MELO, A.L.T., AMORIM, M.V., BORGES, A.M.C.M., GAÍVA L.S.,  
1536 MARTINS, T.F., LABRUNA, M.B., AGUIAR, D.M., PACHECO, R.C.  
1537 Seroprevalence of *Rickettsia* spp. in equids and molecular detection of  
1538 ‘Candidatus *Rickettsia amblyommi*’ in *Amblyomma cajennense* sensu  
1539 lato ticks from the Pantanal region of Mato Grosso, Brazil. **J. Journal of  
1540 Medical Entomology**, v. 50, n.6, p. 1242–1247, 2014.

1541 AMARAL, R.B., LOURENÇO, E.C., FAMADAS, K.M., GARCIA, A.B.,  
1542 MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Molecular detection of *Bartonella* spp.  
1543 and *Rickettsia* spp. in bat ectoparasites in Brazil. **PLoS One**, v. 13, n. 6,  
1544 e0198629, 2018.

1545 AMOÊDO-LIMA, M., MARTINS, T.F., MUÑOZ-LEAL, S., GUILHERME, E.,  
1546 OGRZEWALSKA, M., LABRUNA, M.B. Carrapatos e sua infecção por  
1547 Rickettsia do grupo da febre maculosa em aves do sudoeste da  
1548 Amazônia Brasileira. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, v.  
1549 31, n.1, p. 26-35, 2018.

1550 AMORIM FILHO, E.F., COSTA, F.B., MORAES-FILHO, J., SANTOS, A.C.G,  
1551 VALE, T.L., COSTA, A.P., SILVA, A.B., LABRUNA, M.B., NOGUEIRA,  
1552 R.M.S. Exposure of Baixadeiro horses to *Rickettsia* spp. and to ticks  
1553 infected by *Rickettsia amblyommatis* in the Baixada Maranhense micro-  
1554 region, Maranhão, Brazil. **Ciência Rural**, v. 48, n. 9, 2018.

1555 ANDERSEN-NISSEN, E., SMITH, K. D., STROBE, K. L., BARRETT, S. L.,  
1556 COOKSON B. T., LOGAN S. M. Evasion of Toll-like receptor 5 by  
1557 flagellated bacteria. **Proceedings of the National Academy of  
1558 Sciences of the United States of America**, v. 102, p. 9247–9252, 2005.

- 1559 ANDRÉ, M.R.; ADANIA, C.H. ; TEIXEIRA, R.H.F. ; VARGAS, G.H. ; FALCADE,  
1560 M. ; SOUSA, L. ; SALLES, A.R. ; ALLEGRETTI, S.M. ; FELIPPE, P.A.N.,  
1561 MACHADO, R.Z. . Molecular detection of *Hepatozoon* spp. in Brazilian  
1562 and exotic wild carnivores. **Veterinary Parasitology**, v. 173, p. 134-138,  
1563 2010.
- 1564 ANDRÉ, M.R., ADANIA, C.H., TEIXEIRA, R.H., ALLEGRETTI, S.M.,  
1565 MACHADO, R.Z. Molecular and serological detection of *Babesia* spp. in  
1566 neotropical and exotic carnivores in Brazilian zoos. **Journal of Zoo and**  
1567 **Wildlife Medicine**, v. 42, n. 1, p. 139-43, 2011.
- 1568 ANDRÉ, M.R., DUMLER, J.S., SCORPIO, D.G., TEIXEIRA, R.H., ALLEGRETTI  
1569 SM, MACHADO RZ. Molecular detection of tick-borne bacterial agents in  
1570 Brazilian and exotic captive carnivores. **Ticks tick borne diseases**, v. 3,  
1571 n. 4, p. 247-53, 2012.
- 1572 ANDRÉ, M.R., DUMLER, J.S., HERRERA, H.M., GONCALVES, L.R., DE  
1573 SOUSA, K.C., SCORPIO, D.G., DE SANTIS, A.C.G.A., DOMINGOS,  
1574 I.H., DE MACEDO, G.C., MACHADO, R.Z. Assessment de a quantitative  
1575 5' nuclease real-time polymerase chain reaction using the nicotinamide  
1576 adenine dinucleotide dehydrogenase gamma subunit (nuoG) por  
1577 *Bartonella* species in domiciled and stray cats in Brazil. **Journal de**  
1578 **Feline Medicine and Surgery**, v. 18, n. 10, p. 783-790, 2015.
- 1579 ANDRÉ, M.R. Diversity of *Anaplasma* and *Ehrlichia/Neoehrlichia* Agents in  
1580 Terrestrial Wild Carnivores Worldwide: Implications for Human and  
1581 Domestic Animal Health and Wildlife Conservation. **Frontiers in**  
1582 **Veterinary Science**, 23, n. 5, p. 293, 2018.
- 1583 ANDRÉ, M.R., GUTIÉRREZ, R., IKEDA, P., DO AMARAL, R.B., DE SOUSA,  
1584 K.C.M., NACHUM-BIALA, Y., LIMA, L., TEIXEIRA, M.M.G., MACHADO,  
1585 R.Z., HARRUS, S. Genetic diversity of *Bartonella* spp. in vampire bats  
1586 from Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 66, n. 6, p.  
1587 2329-2341, 2019.
- 1588 APPERSON, C.S., ENGBER, B., NICHOLSON, W.L., MEAD, D.G., ENGEL, J.,  
1589 YABSLEY, M.J., DAIL, K., JOHNSON, J., WATSON, D.W. Tick-borne  
1590 diseases in North Carolina: is "*Rickettsia amblyommi*" a possible cause  
1591 of rickettsiosis reported as Rocky Mountain spotted fever? **Vector Borne**  
1592 **Zoonotic Diseases**, v. 8, n. 5, p. 597–606, 2008.
- 1593 ARAGÃO, H.B. Ixodídeos brasileiros e de alguns países limítrofes. Memórias  
1594 do Instituto Oswaldo Cruz, v. 31, p. 759-843, 1936.
- 1595 ARVAND, M., IGNATIUS, R., REGNATH, T., HAHN, H., MIELKE, M. E.  
1596 *Bartonella henselae*-specific cell-mediated immune responses display a  
1597 predominantly Th1 phenotype in experimentally infected C57BL/6 mice.  
1598 **Infection and Immunity**, v. 69, p. 6427–6433, 2001.
- 1599 ARZUA M, ONOFRIO VC, BARROS-BATTESTI DM. Catalogue of the tick  
1600 collection (Acari, Ixodida) of the Museu de História Natural Capão da  
1601 Imbuia, Curitiba, Paraná, Brazil. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 22,  
1602 n. 3, p. 623-632, 2005.

- 1603 ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE  
1604 CARNE – ABIEC. Sumário 2019 Perfil da Pecuária no Brasil: relatório  
1605 anual [online]. Disponível em:  
1606 <http://www.abiec.com.br/control/uploads/arquivos/sumario2019portugues.pdf>. Acesso em: 02 jan 2020.
- 1607  
1608 BAI, Y., RECUENCO, S., GILBERT, A.T., OSIKOWICZ, L.M., GO, J.,  
1609 RUPPRECHT, C., KOSOY, M.Y. Prevalence and diversity of *Bartonella*  
1610 spp. in bats in Peru. **American Journal of Tropical Medicine and**  
1611 **Hygiene**, v. 87, n.3, p. 518–523, 2012.
- 1612 BAJER, A., ALSARRAF, M., BEDNARSKA, M., MOHALLAL, E.M.,  
1613 MIERZEJEWSKA, E.J., BEHNKE-BOROWCZYK, J., ZALAT, S.,  
1614 GILBERT, F., WELC-FALĘCIAK, R. *Babesia behnkei* sp. nov., a novel  
1615 *Babesia* species infecting isolated populations of Wagner’s gerbil,  
1616 *Dipodillus dasyurus*, from the Sinai Mountains, Egypt. **Parasites e**  
1617 **Vectors**, V. 7, p. 572, 2014.
- 1618 BARBIERI, A.R.M., SZABÓ, M.P.J., COSTA, F.B., MARTINS, T.F., SOARES,  
1619 H.S., PASCOLI, G., TORGA, K., SARAIVA, D.G., RAMOS, V.N.,  
1620 OSAVA, C., GERARDI, M., DIAS, R.A., MORAES, E.A.JR., FERREIRA,  
1621 F., CASTRO, M.B., LABRUNA M.B. Species richness and seasonal  
1622 dynamics of ticks with notes on rickettsial infection in a Natural Park of  
1623 the Cerrado biome in Brazil. **Ticks and Tick-borne Diseases**, v. 10, n.  
1624 2, p. 442–453, 2019.
- 1625 BEZERRA, M.C.F., MELO, A.L.T., TAQUES, I.I.G.G., AGUIAR, D.M.,  
1626 PACHECO, R.C., SLHESARENKO, R.D. Seropositivity for *Rickettsia*  
1627 spp. and *Ehrlichia* spp. in the human population of Mato Grosso, Central-  
1628 Western Brazil. **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina**  
1629 **Tropical**, v. 50, n. 3, p. 399-403, 2017.
- 1630 BILLETER, S.A., GUNDI, V.A., ROOD, M.P., KOSOY, M.Y. Molecular Detection  
1631 and Identification of Bartonella Species in *Xenopsylla cheopis* Fleas  
1632 (Siphonaptera: Pulicidae) Collected from *Rattus norvegicus* Rats in Los  
1633 Angeles, California. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 77,  
1634 n. 21, p. 7850-7852, 2011.
- 1635 BIRKENHEUER, A.J., LEVY, M.G., BREITSCHWERDT, E.B. Development and  
1636 evaluation of a seminested PCR for detection and differentiation of  
1637 *Babesia gibsoni* (Asian genotype) and *B. canis* DNA in canine blood  
1638 samples. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 41, p. 4172–4177, 2003.
- 1639 BLANCO, C.M., TEIXEIRA, B.R., SILVA, A.G., OLIVEIRA, R.C., STRECHT, L.,  
1640 OGRZEWALSKAA, M., LEMOS, E.R.S. Microorganisms in ticks (Acari:  
1641 Ixodidae) collected on marsupials and rodents from Santa Catarina,  
1642 Paraná and Mato Grosso do Sul states, Brazil. **Ticks Tick Borne**  
1643 **Diseases**, v. 8, p. 90–98, 2017.
- 1644 BOUER, A, ANDRÉ, M.R., GONÇALVES, L.R., LUZZI, M.C., OLIVEIRA, J.P.,  
1645 RODRIGUES, A.C., VARANI, A.M., MIRANDA, V.F.O., PERLES, L.,  
1646 WERTHER, K., MACHADO, R.Z. *Hepatozoon caimani* in *Caiman*

- 1647 *crocodilus yacare* (Crocodylia, Alligatoridae) from North Pantanal,  
1648 Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 26, n. 3, p.  
1649 352–358, 2017.
- 1650 BRANDÃO, M.V., GARBINO, G.S.T., SEMEDO, T.B.F., FEIJÓ, A.,  
1651 NASCIMENTO, F.O., FERREIRA, H.F., ROSSI, R.V., CARMIGNOTTO,  
1652 A.P. Mammals of Mato Grosso, Brazil: annotated species list and  
1653 historical review. **Mastozoología Neotropical**, v. 26, n. 2, p. 1-44, 2019.
- 1654 BUFFET, J.P., PISANU, B., BRISSE, S., ROUSSEL, S., FÉLIX, B., HALOS, L.,  
1655 CHAPUIS, J., VAYSSIER-TAUSSAT, M. Deciphering *Bartonella*  
1656 diversity, recombination, and host specificity in a rodent community. **Plos**  
1657 **One**, v. 8, e68956, 2013.
- 1658 CALCHI, A. C., VULTÃO, J. G., ALVES, M. H., YOGUI, D. R., DESBIEZ, A. L.  
1659 J., DO AMARAL, R. B., SANTI, M., TEIXEIRA, M.M.G., WERTHER, K.,  
1660 MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M. R. Multi-locus sequencing reveals a novel  
1661 *Bartonella* in mammals from the Superorder Xenarthra. **Transboundary**  
1662 **and Emerging Diseases**, v. 00, p. 1-14, 2020.
- 1663 CANEVARI, J.T., FIRESTONE, S.M., VINCENT, G., CAMPBELL, A., TAN, T.,  
1664 MULEME, M., CAMERON, A.W.N., STEVENSON, M.A. The prevalence  
1665 of *Coxiella burnetii* shedding in dairy goats at the time of parturition in an  
1666 endemically infected enterprise and associated milk yield losses. **Vet**  
1667 **Res.** V. 14, n. 353, 2018.
- 1668 CHOMEL, B.B., KASTEN, R.W., FLOYD-HAWKINS, K., CHI, B., YAMAMOTO,  
1669 K., ROBERTS-WILSON, J., GURFIELD, A.N., ABBOTT, R.C.,  
1670 PEDERSEN, N.C., KOEHLER, J.E. Experimental transmission of  
1671 *Bartonella henselae* by the cat flea. **Journal of Clinical Microbiology**, v.  
1672 34, p. 1952-1956, 1996.
- 1673 COELHO, M.G., RAMOS, V.N., LIMONGI, J.E., LEMOS, E.R., GUTERRES, A.,  
1674 DA COSTA, S.F.N., ROZENTAL, T., BONVICINO, C.R., D'ANDREA,  
1675 P.S., MORAES-FILHO, J., LABRUNA, M.B., SZABÓ, M.P. Serologic  
1676 evidence of the exposure of small mammals to spotted-fever *Rickettsia*  
1677 and *Rickettsia bellii* in Minas Gerais, Brazil. **Journal of Infection in**  
1678 **Developing Countries**, v. 10, n. 3, p. 275-282, 2016.
- 1679 COLLE, A.C., MENDONÇA, R.F.B., MAIA, M.O., FREITAS, L.D.C., WITTER,  
1680 R., MARCILI, A., AGUIAR, D.M., MUÑOZ-LEAL, S., LABRUNA, M.B.,  
1681 ROSSI, R.V., PACHECO, R.C. Molecular survey of tick-borne pathogens  
1682 in small mammals from Brazilian Amazonia. **Revista Brasileira de**  
1683 **Parasitologia Veterinária**, v. 28, n. 4, p. 592-604, 2019.
- 1684 COLLE, A.C., MENDONÇA, R.F.B., MAIA, M.O., FREITAS, L.D.C., MARTINS,  
1685 T.F., MUÑOZ-LEAL, S., AGUIAR, D.M., LABRUNA, M.B., ROSSI, R.V.,  
1686 PACHECO, R.C. 2020. Rickettsial survey and ticks infesting small  
1687 mammals from the Amazon forest in midwestern Brazil. **Systematic e**  
1688 **Applied Acarology**. 25(1):78-91.

- 1689 CORDEIRO, M.D., BAËTA, B.A., CEPEDA M.B., FONSECA, A.H. Experimental  
1690 infection of *Monodelphis domestica* with *Rickettsia parkeri*. **Ticks Tick**  
1691 **Borne Diseases**, e-101366, 2019.
- 1692 CORRÊA, M.M.O., LAZAR, A., DIAS, D., BONVICINO, C.R. Quirópteros  
1693 Hospedeiros de Zoonoses no Brasil. **Boletim da sociedade brasileira**  
1694 **de mastozologia**, v. 67, p. 23-38, 2013.
- 1695 COSTA, F., PORTER, F.H., RODRIGUES, G., FARIAS, H., DE FARIA, M.T.,  
1696 WUNDER, E.A. , OSIKOWICZ, L.M., KOSOY, M.Y., REIS, M.G., KO,  
1697 A.I., CHILDS, J.E. Infections by *Leptospira interrogans*, Seoul virus, and  
1698 *Bartonella* spp. among Norway rats (*Rattus norvegicus*) from the urban  
1699 slum environment in Brazil. **Vector Borne Zoonotic Diseases**, V. 14, N.  
1700 1, p. 33-40, 2014.
- 1701 COSTA, F.B., DA COSTA, A.P., MORAES-FILHO, J., MARTINS, T.F.,  
1702 SOARES, H.S., RAMIREZ, D.G., DIAS, R.A., LABRUNA, M.B. *Rickettsia*  
1703 *amblyommatis* infecting ticks and exposure of domestic dogs to  
1704 *Rickettsia* spp. in an Amazon-Cerrado transition region of northeastern  
1705 Brazil. **Plos one**, v. 12, n.6, p. 1-17, 2017.
- 1706 DA SILVEIRA, A.W., DE OLIVEIRA, G.G., SANTOS, L.M., AZUAGA, L.B.S.,  
1707 COUTINHO, C.R.M., ECHEVERRIA, J.T., ANTUNES, T.R., RAMOS,  
1708 C.A.R., SOUZA, A.I. Natural Infection of the South American Tapir  
1709 (*Tapirus terrestris*) by *Theileria equi*. **Journal of Wildlife Diseases**,  
1710 2017;53(2):411–413.
- 1711 DALL'AGNOL, B., SOUZA, U., WEBSTER, A., WECK, B., STENZEL, B.,  
1712 LABRUNA, M., KLAFKE, G., MARTINS, J.R., FERREIRA, C.A.S., RECK,  
1713 J. "Candidatus *Rickettsia aseboensis*" in *Rhipicephalus sanguineus*  
1714 ticks, Brazil. **Acta Tropica**, v. 167, p. 18-20, 2017.
- 1715 DAMASCENO, I.A.M., GUERRA, R.C. *Coxiella burnetii* e a febre Q no Brasil,  
1716 uma questão de saúde pública. **Ciência e Saúde Coletiva**, v. 23, n. 12,  
1717 p.4231-4239, 2018.
- 1718 DANTAS-TORRES, F. Causative agents of canine babesiosis in Brazil.  
1719 **Preventive Veterinary Medicine**, v. 83, n. 2, p. 210-1, 2008.
- 1720 DANTAS-TORRES, F., SIQUEIRA, D.B., RAMEH-DE-ALBUQUERQUE, L.C.,  
1721 DA SILVA, S.D., ZANOTTI, A.P., FERREIRA, D.R., MARTINS, T.F., DE  
1722 SENNA, M.B., WAGNER, P.G., DA SILVA, M.A., MARVULO, M.F.,  
1723 LABRUNA, M.B. Ticks infesting wildlife species in Northeastern Brazil  
1724 with new host and locality records. **Journal Medical Entomology**, v.47,  
1725 p.1243-1246, 2010.
- 1726 DANTAS-TORRES, F., ALÉSSIO, F.M., SIQUEIRA, D.B., MAUFFREY, J.M.,  
1727 MARVULO, M.F.V., MARTINS, T.F., MORAES-FILHO, J., CAMARGO,  
1728 M.C.G.O., D'AURIA, S.R.N., LABRUNA, M.B., SILVA., J.C.R. Exposure  
1729 of small mammals to ticks and rickettsiae in Atlantic Forest patches in the  
1730 metropolitan area of Recife, North-eastern Brazil. **Parasitology**, v. 139,  
1731 n. 1, p. 83-91, 2012.

- 1732 DARRIBA, D.; TABOADA, G.L.; DOALLO, R.; POSADA, D. jModelTest 2: more  
1733 models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, London,  
1734 v. 9, n.8, p.772, 2012.
- 1735 D'AURIA, S.R., CAMARGO, M.C., PACHECO, R.C., SAVANI, E.S., DIAS, M.A.,  
1736 DA ROSA, A.R., DE ALMEIDA, M.F., LABRUNA, M.B. Serologic survey  
1737 for rickettsiosis in bats from São Paulo city, Brazil. **Vector Borne**  
1738 **Zoonotic Diseases**, v. 10, n. 5, p. 459-63, 2010.
- 1739 DE OLIVEIRA, G.M. B., DA SILVA, I. W. G., DA CRUZ FERREIRA EVARISTO,  
1740 A. M., DE AZEVEDO SERPA, M. C., SILVA CAMPOS, A. N., DUTRA,  
1741 V., NAKAZATO, L., AGUIAR, D.M., LABRUNA, M.B., HORTA, M. C.  
1742 Tick-borne pathogens in dogs, wild small mammals and their  
1743 ectoparasites in the semi-arid Caatinga biome, northeastern Brazil. **Ticks**  
1744 **and Tick-Borne Diseases**, v. 11, n. 4, p. 101409, 2020.
- 1745 DELISLE J., MENDELL, N.L., STULL-LANE, A., BLOCH, K.C., BOUYER, D.H.,  
1746 MONCAYO, A.C. Human Infections by Multiple Spotted Fever Group  
1747 Rickettsiae in Tennessee. **The American Journal of Tropical Medicine**  
1748 **and Hygiene**, v. 94, p.1212-1217, 2016.
- 1749 DEMONER, L.C. Infecção experimental de *Amblyomma cajennense*,  
1750 *Amblyomma ovale* e *Rhipicephalus sanguineus* (ACARI: IXODIDAE)  
1751 com *Hepatozoon canis* (APICOMPLEXA: HEPATOZOIDAE).  
1752 Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP. 2011.
- 1753 DEMONER, L.C., MAGRO, N.M., DA SILVA, M.R., DE PAULA ANTUNES,  
1754 J.M., CALABUIG, C.I., O'DWYER, L.H. *Hepatozoon* spp. infections in  
1755 wild rodents in an area of endemic canine hepatozoonosis in  
1756 southeastern Brazil. **Ticks tick borne diseases**, v. 7, n. 5, p. 859–864,  
1757 2016.
- 1758 DEMONER L.C., SILVA M.R.L., MAGRO, N.M., O'DWYER, L.H. *Hepatozoon*  
1759 *milleri* sp. nov. (Adeleorina: Hepatozoidae) in *Akodon montensis*  
1760 (Rodentia: Cricetidae: Sigmodontinae) from southeastern Brazil.  
1761 **Parasitology**, v. 146, n. 5, p. 662-669, 2019.
- 1762 DÍAZ-NIETO, J.F., VOSS, R.S. A revision of the didelphid marsupial genus  
1763 *Marmosops*, part 1. Species of the subgenus *Sciophanes*. **Bulletin of**  
1764 **the American Museum of Natural History**, v. 402, n. 334, p. 1–70,  
1765 2016.
- 1766 DUMLER, J.S, WALKER, D.H. Tick-borne ehrlichioses. **The Lancet Infectious**  
1767 **Diseases**, v. 1, n. 1, p. 21-28, 2001.
- 1768 ENDRIS, R.G., KEIRANS, J.E., ROBBINS, R.G., HESS, W.R. *Ornithodoros*  
1769 (*Alectorobius*) *puertoricensis* (Acari: Argasidae): redescription by  
1770 scanning electron microscopy. **Journal of Medical Entomology**, v. 26,  
1771 p. 146–154, 1989.
- 1772 ESTEVAM ,L.G.T.M., FONSECA JUNIOR, A.A., SILVESTRE, B.T.,  
1773 HEMETRIO, N.S., ALMEIDA, L.R., OLIVEIRA, M.M., SILVA, S.M.,  
1774 RIBEIRO, M.F.B., SILVEIRA, J.A.G. Seven years of evaluation of  
1775 ectoparasites and vector-borne pathogens among ring-tailed coatis in an

- 1776 urban park in southeastern Brazil. **Veterinary Parasitology: Regional**  
 1777 **Studies and Reports**, v. 21, p. 100442, 2020.
- 1778 EWING, B., GREEN, P. Basecalling of automated sequencer traces using  
 1779 phred. II. Error probabilities. *Genome Research*, v. 8, p. 186–194, 1998.
- 1780 EWING, B.; HILLIER, L; WENDL, M.C.; GREEN, P. Base-calling of automated  
 1781 sequencer traces using Phred. I. Accuracy Assessment. *Genome*  
 1782 *Research*, New York, v.8, n.3, p.175-1985, 1998.
- 1783 FAVACHO, A.R., ANDRADE, M.N., DE OLIVEIRA, R.C., BONVICINO, C.R.,  
 1784 D'ANDREA, P.S., DE LEMOS, E.R. Zoonotic *Bartonella* species in wild  
 1785 rodents in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. **Microbes and**  
 1786 **Infection**, v. 17, p. 889–892, 2015.
- 1787 FERREIRA, M.S., GUTERRES, A., ROZENTAL, T., NOVAES, R.L.M., VILAR,  
 1788 E.M., OLIVEIRA, R.C., FERNANDES, J., FORNEAS, D., JUNIOR, A.A.,  
 1789 BRANDÃO, M.L., CORDEIRO, J.L.P., ALVAREZ, M.R.D.V., ALTHOFF,  
 1790 S.L., MORATELLI, R., Cordeiro-Estrela, P., SILVA, R.C., LEMOS, E.R.S.  
 1791 *Coxiella* and *Bartonella* spp. in bats (Chiroptera) captured in the Brazilian  
 1792 Atlantic Forest biome. **Veterinary Research**, v. 14, p. 279, 2018.
- 1793 FIGUEROA, J.V., ALVAREZ, J.A., CANTO, G.J., RAMOS, J.A.,  
 1794 MOSQUEDA, J.J., BUENING, G.M. Comparative sensitivity of two  
 1795 tests for the diagnosis of multiple hemoparasite infection of cattle.  
 1796 **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 23, n. 791, p. 117-  
 1797 27, 1996.
- 1798 FILONI, C., CATÃO-DIAS, J. L., CATTORI, V., WILLI, B., MELI, M. L.,  
 1799 CORRÊA, S. H. R.,...HOFMANN-LEHMANN, R. Surveillance using  
 1800 serological and molecular methods for the detection of infectious agents  
 1801 in captive Brazilian neotropical and exotic felids. **Journal of Veterinary**  
 1802 **Diagnostic Investigation**, v. 24, n. 1, p. 166–173, 2012.
- 1803 FONTALVO, M.C., FAVACHO, A.R.M., ARAUJO, A.C., DOS SANTOS, N.M.,  
 1804 DE OLIVEIRA, G.M.B., AGUIAR, D.M., DE LEMOS, E.R.S., HORTA,  
 1805 C.M. *Bartonella* species pathogenic for humans infect pets, free-ranging  
 1806 wild mammals and their ectoparasites in the Caatinga Biome,  
 1807 Northeastern Brazil: a serological and molecular study. **The Brazilian**  
 1808 **Journal of Infectious Diseases**, v. 21, p. 290–296, 2017.
- 1809 FOOD AND AGRICULTURE ORGANISATION OF THE UNITED NATIONS -  
 1810 FAO. Investigating the role of bats in emerging zoonoses: Balancing  
 1811 ecology, conservation and public health interests. Edited by SH Newman,  
 1812 HE Field, CE de Jong e JH Epstein. **FAO Animal Production and**  
 1813 **Health Manual**. 2011.
- 1814 FRANK, H.K., BOYD, S.D., HADLY, E.A. Global fingerprint of humans on the  
 1815 distribution of *Bartonella* bacteria in mammals. **PLOS Neglected**  
 1816 **Tropical Diseases**, v. 12, n. 11, 2018.
- 1817 GARCIA, M.V., MATIAS, J., AGUIRRE, A.A., CSORDAS, B.G., SZABÓ, M.P.,  
 1818 ANDREOTTI, R. Successful Feeding of *Amblyomma coelebs* (Acari:

- 1819 Ixodidae) Nymphs on Humans in Brazil: Skin Reactions to Parasitism.  
1820 **Journal of Medical Entomology**, v. 52, n. 2, p. 117-119, 2015.
- 1821 GARDNER, A. L. Mammals of South America. Marsupials, Xenarthrans,  
1822 Shrews, and Bats. London: **The University of Chicago Press**, 2007.
- 1823 GOFF, W.L., JOHNSON, W.C., MOLLOY, J.B., JORGENSEN, W.K.,  
1824 WALDRON, S.J., FIGUEROA, J.V., MATTHEE, O., ADAMS, D.S.,  
1825 MCGUIRE, T.C., PINO, I. Validation of a competitive enzyme-linked  
1826 immunosorbent assay for detection of *Babesia bigemina* antibodies in  
1827 cattle. **Clinical and Vaccine Immunology**, v. 15, p. 1316-1321, 2008.
- 1828 GOMES DE SÁ, E.F.G., RODRIGUES, V.S., GARCIA, M.V., ZIMMERMANN,  
1829 N.P., RAMOS, V.N., BLECHA, I.M.Z., DUARTE, P.O., MARTINS, T.F.,  
1830 BORDIGNON, M.O., ANDREOTTI, R. Ticks on *Didelphis albiventris* from  
1831 a Cerrado area in the Midwestern Brazil. **Systematic e Applied**  
1832 **Acarology**, v. 23, n. 5, p. 935–945, 2018.
- 1833 GOMES, L.A, MORAES, L.A., AGUIAR, D.C.F, DIAS, H.L.T., RIBEIRO, A.S.S.,  
1834 ROCHA, H.P.C., NUNES, M.R.T., GONÇALVES, E.C. Genetic diversity  
1835 of Hepatozoon spp. in *Hydrochoerus hydrochaeris* and *Pecari tajacu*  
1836 from eastern Amazon. **Ticks and Tick-Borne Diseases**, v. 9, n. 2, p.  
1837 314–318, 2018.
- 1838 GONÇALVES, L.R., FAVACHO, A.R., ROQUE, A.L., MENDES, N.S., FIDELIS,  
1839 O.L.J., BENEVENUTE, J.L., HERRERA, H.M., D'ANDREA, P.S., DE  
1840 LEMOS, E.R., MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Association of *Bartonella*  
1841 Species with Wild and Synanthropic Rodents in Different Brazilian  
1842 Biomes. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 82, n. 24, p.  
1843 7154-7164, 2016.
- 1844 GONÇALVES, L.R., HARRUS, S., HERRERA, H.M., et al. Low occurrence of  
1845 *Bartonella* in synanthropic mammals and associated ectoparasites in  
1846 peri-urban areas from Central-Western and Southern Brazil. **Acta**  
1847 **Tropica**, v. 207, p. 105513, 2020.
- 1848 GONÇALVES DE OLIVEIRA, J., ROZENTAL, T., GUTERRES, A., TEIXEIRA,  
1849 B. R., ANDRADE-SILVA, B. E., FRAGA DA COSTA NETO, S.,  
1850 FURTADO, M.C., MORATELLI, R., D'ANDREA, P.S., LEMOS, E. R. S.  
1851 Investigation of *Bartonella* spp. in brazilian mammals with emphasis on  
1852 rodents and bats from the Atlantic Forest. **International Journal for**  
1853 **Parasitology: Parasites and Wildlife**, 2020.
- 1854 GONZÁLEZ-BARRIO, D., GARCÍA, J.T., JADO, I., OLEA, P.P., VIÑUELA, J.,  
1855 RUIZ, F.F. Have small mammals been neglected as *Coxiella burnetii*  
1856 reservoirs? 12th Conference of the European Wildlife Disease  
1857 Association, Berlin, Germany. **Instituto de Salud Carlos III**. 2016a.
- 1858 GONZÁLEZ-BARRIO, D., HAGEN, F., TILBURG, J.J., RUIZ-FONS, F. *Coxiella*  
1859 *burnetii* Genotypes in Iberian Wildlife. **Microbial Ecology**, v. 72, n. 4, 00.  
1860 890-897, 2016b.

- 1861 GONZÁLEZ-BARRIO, D., RUIZ-FONS, F. *Coxiella burnetii* in wild mammals: a  
1862 systematic review. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 66, n.  
1863 2, p. 662-671, 2018.
- 1864 GRUHN, K.D., OGRZEWALSKA, M., ROZENTAL, T., FARIKOSKI, I.O.,  
1865 BLANCO, C., DE SOUZA, F.L., LEMOS, E.R.S., RIBEIRO, V.M.F.  
1866 Evaluation of rickettsial infection in free-range capybaras (*Hydrochoerus*  
1867 *hydrochaeris* Linnaeus, 1766) (Rodentia: Caviidae) and ticks (Acari:  
1868 Ixodidae) in the Western Amazon, Brazil. **Ticks Tick Borne Diseases**, v.  
1869 10, n. 5, p. 981-986, 2019.
- 1870 GUGLIELMONE, A.A., ESTRADA-PEÑA, A., LUCIANI, C.A., MANGOLD, A.J.,  
1871 KEIRANS, J.E. Hosts and distribution of *Amblyomma auricularium* (Conil,  
1872 1878) and *Amblyomma pseudoconcolor* Aragão, 1908 (Acari: Ixodidae).  
1873 **Experimental and Applied Acarology**, v. 29, p.131-139, 2003.
- 1874 GUGLIELMONE, A.A., ROBINS, R.G., APANASKEVICHDA, D.A., PETNEY,  
1875 T.N., ESTRADA-PEÑA, A., HORAK, I.G. 2014. The hard ticks of the  
1876 world: (Acari: Ixodida: Ixodidae). London (UK): Springer.
- 1877 GUIMARÃES, J.C., TUCCI, E.C., BARROS-BATESTTI, D.M. **Ectoparasitos de**  
1878 **importância veterinária**. São Paulo: Plêiade; 2001, 213 p.
- 1879 GUINDON, S., GASCUEL, O. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate  
1880 large phylogenies by maximum likelihood. **Systematic Biology**, v. 52, n.  
1881 5, p. 696-704, 2003.
- 1882 HALL, T.A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and  
1883 analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium**  
1884 **Series**, v. 41, p. 95–98, 1999.
- 1885 HAMŠÍKOVÁ, Z., KAZIMÍROVÁ, M., HARUŠTIAKOVÁ, D., MAHRÍKOVÁ, L.,  
1886 SLOVÁK, M., BERTHOVÁ, L., KOCIANOVÁ, E., SCHNITTGER, L.  
1887 *Babesia* spp. in ticks and wildlife in different habitat types of Slovakia.  
1888 **Parasites e Vectors**, v. 20, n. 9, p. 292, 2016.
- 1889 HELAN, J.V.G., GRINBERG. A., GEDYE, K., POTTER, M.A., HARRUS, S.  
1890 Molecular detection of *Bartonella coopersplainsensis* and *B. henselae* in  
1891 rats from New Zealand. **New Zealand Veterinary Journal**, v. 66, n. 5, p.  
1892 257-260, 2018.
- 1893 HERWALDT, B.L., DE BRUYN, G., PIENIAZEK, N.J., HOMER, M., LOFY, K.H.,  
1894 SLEMENDA, S.B., FRITSCHKE, T.R., PERSING, D.H., LIMAYE, A.P.  
1895 *Babesia divergens*-like Infection, Washington State. **Emerging**  
1896 **Infectious Diseases**, v. 10, n. 4, p. 622-629, 2004.
- 1897 HAN HJ, LIU JW, WEN HL, WEN, H.L., QIN, X.R., ZHAO, M., WANG, L.J.,  
1898 ZHOU, C.M., QI, R., YU, H., YU, X.J. *Babesia vesperuginis* in  
1899 insectivorous bats from China. **Parasites & Vectors**, v. 11, n. 1, p. 317,  
1900 2018.
- 1901 HOLMES, E.C., WOELK, C.H., KASSIS, R., BOURLY, H. Genetic constraints  
1902 and the adaptive evolution of rabies virus in nature. **Virology**, 292, 247–  
1903 257, 2002.

- 1904 HOMER, M.J., AGUILAR-DELFIN, I., TELFORD, SR, KRAUSE PJ, PERSING  
 1905 DH. Babesiosis. **Clinical Veterinary Microbiology.**, v. 13, n. 3, p. 451–  
 1906 69, 2000.
- 1907 HORTA, M.C., LABRUNA, M.B., PINTER, A., LINARDI, P.M., SCHUMAKER,  
 1908 T.T.S. Rickettsia infection in five areas of the state of São Paulo, Brazil.  
 1909 **Memórias Do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 102, n. 7, p. 793-801, 2007.
- 1910 HORTA, M.C., MORAES-FILHO, J., CASAGRANDE, R.A., SAITO, T.B., ROSA,  
 1911 S.C., OGRZEWALSKA, M., ATUSHIMA, E.R., LABRUNA, M.B.  
 1912 Experimental infection of opossums *Didelphis aurita* by *Rickettsia*  
 1913 *rickettsii* and evaluation of the transmission of the infection to ticks  
 1914 *Amblyomma cajennense*. **Vector-borne and Zoonotic Diseases.** V. 9,  
 1915 n. 1, p. 109-18, 2009.
- 1916 HORTA, M.C., NASCIMENTO, G.F., MARTINS, T.F., LABRUNA, M.B.,  
 1917 MACHADO, L.C.P., NICOLA, P.A. Ticks (Acari: Ixodida) parasitizing free-  
 1918 living wild animals in the Caatinga biome in the State of Pernambuco,  
 1919 northeastern Brazil. **Systematic and Applied Acarology**, v. 16, p. 207–  
 1920 211, 2011.
- 1921 HUELSENBECK, J.P., RONQUIST, F. MRBAYES: Bayesian inference of  
 1922 phylogenetic trees. **Bioinformatics**, v. 17, n. 8, p. 754–755, 2001.
- 1923 HURTADO, N., PACHECO, V. Revision of *Neacomys spinosus* (Thomas, 1882)  
 1924 (Rodentia: Cricetidae) with emphasis on Peruvian populations and the  
 1925 description of a new species. **Zootaxa**, v. 42, n. 3, p. 401–440, 2017.
- 1926 IKEDA, P., SEKI, M.C., CARRASCO, A.O.T., RUDIACK, L.V., MIRANDA, J.M.D,  
 1927 GONÇALVES, S.M.M., HOPPE, E.G.L., ALBUQUERQUE, A.C.A.,  
 1928 TEIXEIRA, M.M.G., PASSOS, C.E., WERTHER, K., MACHADO, R.Z.,  
 1929 ANDRÉ, M.R. Evidence and molecular characterization of *Bartonella*  
 1930 spp. and hemoplasmas in neotropical bats in Brazil. **Epidemiology and**  
 1931 **Infection**, v. 145, n. 10, p. 2038-2052.
- 1932 INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. 2019.  
 1933 Biomass e Sistema Costeiro-Marinheiro do Brasil: compatível com a escala  
 1934 1:250 000. Rio de Janeiro (RJ): IBGE. [accessed 2020 July 13].  
 1935 <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/livros/liv101676.pdf>
- 1936 JALOVECKA, M., HAJDUSEK, O., SOJKA, D., KOPACEK, P., MALANDRin, L.  
 1937 The Complexity of Piroplasms Life Cycles. **Frontiers in Cellular and**  
 1938 **Infection Microbiology**, v. 8, n. 248, 2018.
- 1939 JESUS, R.F., RODRIGUES, G.M., SILVA, E.M., CARNEIRO, A.J., FRANKE,  
 1940 C.R., CUNHA R.M., GONDIM, L.F. Toxoplasmatinae Parasites in Bats  
 1941 from Bahia State, Brazil. **Journal of wildlife diseases**, v. 53, n. 1, p.  
 1942 144-147, 2017.
- 1943 JUDSON, S.D., FRANK, H.K., HADLY, E.A. Bartonellae are Prevalent and  
 1944 Diverse in Costa Rican Bats and Bat Flies. **Zoonoses Public Health**, v.  
 1945 62, n. 8, p. 609-617, 2015.
- 1946 KARPATY, S.E., SLATER, K.S., GOLDSMITH, C.S., NICHOLSON, W.L.,  
 1947 PADDOCK, C.D. *Rickettsia amblyommatis* sp. nov., a spotted fever

- 1948 group *Rickettsia* associated with multiple species of *Amblyomma* ticks in  
 1949 North, Central and South America. **International Journal of Systematic  
 1950 and Evolutionary Microbiology**, v. 66, n. 12, p. 5236-5243, 2016.
- 1951 KRAWCZAK FS, MUÑOZ-LEAL S, GUZTZAKEY AC, OLIVEIRA SV, SANTOS  
 1952 FC, ANGERAMI RN, MORAES-FILHO J, SOUZA JR JC, LABRUNA MB.  
 1953 Case report: *Rickettsia* sp. strain Atlantic rainforest infection in a patient  
 1954 from a spotted fever-endemic area in southern Brazil. **American Journal  
 1955 of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 95, n. 3, p. 551-553, 2016.
- 1956 KRAWCZAK, F.S., LABRUNA, M.B., HECHT, J.A., PADDOCK, C.D.,  
 1957 KARPATY, S.E. Genotypic Characterization of *Rickettsia bellii* Reveals  
 1958 Distinct Lineages in the United States and South America. **BioMed  
 1959 Research International**, v. 2018a, p. 8505483, 2018.
- 1960 KRAWCZAK, F.S., LABRUNA, M.B. The rice rat *Euryoryzomys russatus*, a  
 1961 competent amplifying host of *Rickettsia parkeri* strain Atlantic rainforest  
 1962 for the tick *Amblyomma ovale*. **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 9, n. 5, p.  
 1963 1133–1136, 2018b.
- 1964 LA SCOLA, B., ZEAITER, Z., KHAMIS, A., RAOULT, D. Gene-sequence-based  
 1965 criteria for species definition in bacteriology: the Bartonella paradigm.  
 1966 **Trends in Microbiology**, v. 11, n. 7, p. 318-321, 2003.
- 1967 LABRUNA, M.B., PEREIRA, M.C. Carrapatos em cães no Brasil. **Clínica  
 1968 Veterinária**, v. 6, n. 30, p. 24-32, 2001.
- 1969 LABRUNA, M.B., PAULA, C.D., LIMA, T.F., SANA, D.A. Ticks (Acari: Ixodidae)  
 1970 on wild animals from the Porto Primavera Hydroelectric power station  
 1971 area, Brazil. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 97, n. 8, p. 1133-  
 1972 1133, 2002.
- 1973 LABRUNA, M.B., WHITWORTH, T., BOUYER, D.H., MCBRIDE, J.,  
 1974 CAMARGO, L.M., CAMARGO, E.P., POPOV, V., WALKER, D.H.  
 1975 *Rickettsia bellii* and *Rickettsia amblyommii* in *Amblyomma* ticks from the  
 1976 state of Rondônia, Western Amazon, Brazil. **Journal of Medical  
 1977 Entomology**, v. 41, p. 1073–1081, 2004.
- 1978 LABRUNA MB, PACHECO RC, NAVA S, BRANDÃO PE, RICHTZENHAIN LJ,  
 1979 GUGLIELMONE AA.. Infection by *Rickettsia bellii* and *Candidatus*  
 1980 “*Rickettsia amblyommii*” in *Amblyomma neumanni* Ticks from Argentina.  
 1981 **Microbial Ecology**, v. 54, p. 126–133, 2007.
- 1982 LABRUNA MB. Ecology of *Rickettsia* in South America. **Annals of the New  
 1983 York Academy of Sciences**, v. 1166, p. 156-166, 2009.
- 1984 LABRUNA, M.B., ROMERO, M., MARTINS, T.F., TOBLER, M., FERREIRA,  
 1985 F. Ticks of the genus *Amblyomma* (Acari: Ixodidae) infesting tapirs  
 1986 (*Tapirus terrestris*) and peccaries (*Tayassu pecari*) in Peru. **Biotaxa**, v.  
 1987 15, n. 2, p. 30, 2010.
- 1988 LABRUNA, M.B., NAVA, S., MARCILI, A., BARBIERI, A.R., NUNES, P.H.,  
 1989 HORTA, M.C., VENZAL, J.M. A new argasid tick species (Acari:  
 1990 Argasidae) associated with the rock cavy, *Kerodon rupestris* Wied-

- 1991 Neuwied (Rodentia: Caviidae), in a semiarid region of Brazil. **Parasites e**  
 1992 **Vectors**, v. 9, n. 1, p. 511, 2016.
- 1993 LEVI, M.M., NACHUM-BIALA, Y., KING, R., BANETH, G. A survey of *Babesia*  
 1994 spp. and *Hepatozoon* spp. in wild canids in Israel. **Parasites & Vectors**,  
 1995 v. 11, n. 1, 2018.
- 1996 LOPES L.B., GUTERRES, A., ROZENTAL T, OLIVEIRA, R.C., MARES-GUIA,  
 1997 M.A., FERNANDES, J., FIGUEREDO, J.F., ANSCHAU, I., DE JESUS,  
 1998 S., ALMEIDA, A.B.V., SILVA, C.V, MELO VIA, A.V.G., BONVICINO,  
 1999 C.R., D'ANDREA, P.S., BARREIRA, J.D., LEMOS, E.R.S. *Rickettsia*  
 2000 *bellii*, *Rickettsia amblyommii*, and Laguna Negra hantavirus in an Indian  
 2001 reserve in the Brazilian Amazon. **Parasites e Vectors**, v. 7, 191, 2014.
- 2002 LOPES, M.G., MUÑOZ-LEAL, S., DE LIMA, J.T.R., FOURNIER, G.F.D.S.R.,  
 2003 ACOSTA, I.D.C.L., MARTINS, T.F., RAMIREZ, D.G., GENNARI, S.M.,  
 2004 LABRUNA, M.B. Ticks, rickettsial and erlichial infection in small  
 2005 mammals from Atlantic forest remnants in northeastern Brazil.  
 2006 **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 7, n.  
 2007 3, p. 380-385, 2018.
- 2008 LUZ, H.R., FACCINI, J.L.H., MCINTOSH, D. Molecular analyses reveal an  
 2009 abundant diversity of ticks and rickettsial agents associated with wild  
 2010 birds in two regions of primary Brazilian Atlantic Rainforest. **Ticks Tick**  
 2011 **Borne Diseases**, v. 8, n. 4, p. 657-665, 2017.
- 2012 LUZ, H.R., MUÑOZ-LEAL, S., DE CARVALHO, W.D., CASTRO, I.J., XAVIER,  
 2013 B.S., TOLEDO, J.J., HILÁRIO, R., ACOSTA, I.C.L., FACCINI, J.L.H.,  
 2014 LABRUNA, M.B. Detection of "*Candidatus Rickettsia wissemanni*" in ticks  
 2015 parasitizing bats (Mammalia: Chiroptera) in the northern Brazilian  
 2016 Amazon. **Parasitology Research**, v. 118, n. 11, p. 3185-3189, 2019.
- 2017 MADA, P.K., ZULFIQAR, H., JOEL, CHANDRANESAN, A.S. Bartonellosis.  
 2018 [Updated 2020 Jul 24]. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL):  
 2019 StatPearls Publishing; 2020 Jan-. Available from:
- 2020 MAIA, M.O., KOPPE, V.C., MUÑOZ-LEAL, S., MARTINS, T.F., MARCILI, A.,  
 2021 LABRUNA, M.B., PACHECO, R.C. Detection of *Rickettsia* spp. in ticks  
 2022 associated to wild mammals in Northeastern Brazil, with notes on an  
 2023 undetermined *Ornithodoros* sp. collected from marsupials. **Experimental**  
 2024 **and Applied Acarology**, v. 76, n. 4, p. 523-535, 2018.
- 2025 MAIA, M.O., FREITAS, A.L.S., SANTOS, J.G., PACHECO, T.A., RAMOS,  
 2026 D.G.S., SILVA, G.C.P., DUTRA, V., AGUIAR, D.M., PACHECO, R.C.  
 2027 Molecular survey of *Babesia vogeli* and *Hepatozoon* species in dogs  
 2028 from urban area of Midwestern Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, v.  
 2029 40, n. 3, 2019.
- 2030 MANGOLD, A.J., BARGUES, M.D., MAS-COMA, S. Mitochondrial 16S rDNA  
 2031 sequences and phylogenetic relationships of species of Rhipicephalus  
 2032 and other tick genera among Metastratiata (Acari: Ixodidae). **Parasitology**  
 2033 **Research**, v. 84, p. 478–484, 1998.

- 2034 MARES-GUIA, M. A., ROZENTAL, T., GUTERRES, A., GOMES, R., ALMEIDA,  
2035 D. N., MOREIRA, N. S., BARREIRA, J. D., FAVACHO, A. R., SANTANA,  
2036 A. L., LEMOS, E. R. Molecular identification of the agent of Q fever–  
2037 *Coxiella burnetii*–in domestic animals in State of Rio de Janeiro, Brazil.  
2038 **Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical**, v. 47, n. 2, p.  
2039 231-234, 2014.
- 2040 MARTINS TF, BARBIERI ARM, COSTA FB, TERASSINI FA, CAMARGO LMA,  
2041 PETERKA CRL, PACHECO RC, DIAS RA, NUNES PH, MARCILI A, et  
2042 al. Geographical distribution of *Amblyomma cajennense* (sensu lato)  
2043 ticks (Parasitiformes: Ixodidae) in Brazil, with description of the nymph of  
2044 *A. cajennense* (sensu stricto). **Parasites e Vectors**, v. 9, p. 186, 2016a.
- 2045 MARTINS, T.F., PERES, M.G., COSTA, F.B., BACCHIEGA, T.S.,  
2046 APPOLINARIO, C.M., ANTUNES, J.M.A.P., VICENTE, A.F., MEGID, J.,  
2047 LABRUNA, M.B. Ticks infesting wild small rodents in three areas of the  
2048 state of São Paulo, Brazil. **Ciência Rural**, v. 46, p. 871–875, 2016b.
- 2049 MARTINS, T.F., ONOFRIO, V.C., BARROS-BATTESTI, D.M., LABRUNA, M.B,  
2050 Nymphs of the genus *Amblyomma* (Acari Ixodidae) of Brazil:  
2051 descriptions, redescrptions, and identification key. **Ticks Tick-Borne**  
2052 **Diseases**, v. 1, p. 75–99, 2010.
- 2053 MELO, A.L.T., AGUIAR, D.M., SPOLIDORIO, M.G., YOSHINARI, N.H.,  
2054 MATUSHIMA, E.R., LABRUNA, M.B., HORTA, M.C. Serological  
2055 evidence of exposure to tick-borne agents in opossums (*Didelphis* spp.)  
2056 in the state of São Paulo, Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia**  
2057 **Veterinária**, v. 25, n. 3, p. 348-352, 2016.
- 2058 MELO, A.L., ALVES, A.S., NIERI-BASTOS, F.A., MARTINS, T.F., WITTER, R.,  
2059 PACHECO, T.A., SOARES, H.S., MARCILI, A., CHITARRA, C.S.,  
2060 DUTRA, V., NAKAZATO, L., PACHECO, R.C., LABRUNA, M.B.,  
2061 AGUIAR, D.M. *Rickettsia parkeri* infecting free-living *Amblyomma triste*  
2062 ticks in the Brazilian Pantanal. **Ticks and Tick-borne Diseases**, v. 6, n.  
2063 3, p. 237-41, 2015.
- 2064 MENDES, N. S., DE SOUZA RAMOS, I. A., HERRERA, H. M., CAMPOS, J. B.  
2065 V., DE ALMEIDA ALVES, J. V., DE MACEDO, G. C., ANDRÉ, M. R.  
2066 Genetic diversity of *Babesia bovis* in beef cattle in a large wetland in  
2067 Brazil. **Parasitology Research**, v. 118, n. 7, p. 2027-2040, 2019.
- 2068 MILLER, M.A., PFEIFFER, W., SCHWARTZ, T. Creating the CIPRES Science  
2069 Gateway por inference de large phylogenetic trees" in Proceedings de  
2070 the Gateway Computing Environments Workshop (GCE), New Orleans,  
2071 LA, p. 1 – 8, 2010.
- 2072 MIONI, M., RIBEIRO, B. L. D., PERES, M. G., TEIXEIRA, W. S. R., PELÍCIA, V.  
2073 C., MOTTA, R. G., LABRUNA, M. B., RIBEIRO, M. G., SIDI-  
2074 BOUMEDINE, K., MEGID, J. Real-time quantitative PCR-based detection  
2075 of *Coxiella burnetii* in unpasteurized cow's milk sold for human  
2076 consumption. **Zoonoses and Public Health**, v. 00, p. 1-6, 2019.

- 2077 MONTANDON, C.E., YOSHINARI, N.H., MILAGRES, B.S., MAZIOLI, R.,  
2078 GOMES, G.G., MOREIRA, H.N., PADILHA, A.F., WANDERLEY, G.G.,  
2079 MANTOVANI, E., GALVÃO, M.A., LANGONI, H., MAFRA, C. Evidence of  
2080 *Borrelia* in wild and domestic mammals from the state of Minas Gerais,  
2081 Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 23, n. 2, p.  
2082 287-290, 2014.
- 2083 MUÑOZ-LEAL, S., MARTINS, M.M., NAVA, S., LANDULFO, G.A., SIMONS,  
2084 S.M., RODRIGUES, V.S., RAMOS, V.N., SUZIN, A., SZABÓ, M.P.J.,  
2085 LABRUNA, M.B. *Ornithodoros cerradoensis* n. sp. (Acari: Argasidae), a  
2086 member of the *Ornithodoros talaje* (Guérin-Ménéville, 1849) group,  
2087 parasite of rodents in the Brazilian Savannah. **Ticks and Tick-borne**  
2088 **Diseases**, v. 11, n. 5, p. 101497, 2020.
- 2089 MUÑOZ-LEAL, S., LOPES, M.G., MARCILI, A., MARTINS, T.F., GONZÁLEZ-  
2090 ACUÑA, D., LABRUNA, M.B. Anaplasmatidae, *Borrelia* and  
2091 Hepatozoon agents in ticks (Acari: Argasidae, Ixodidae) from Chile. **Acta**  
2092 **Tropica**, v. 192, p. 91-103, 2019.
- 2093 MUÑOZ-LEAL, S., VENZAL, J.M., GONZÁLEZ-ACUÑA, D., NAVA, S., LOPES,  
2094 M.G., MARTINS, T.F., FIGUEROA, C., FERNÁNDEZ, N., LABRUNA,  
2095 M.B. A new species of *Ornithodoros* (Acari: Argasidae) from desert areas  
2096 of northern Chile. **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 7, p. 901–910, 2016.
- 2097 NAVA, S., VENZAL, J.M., ACUÑA, D.G., MARTINS, T.F., GUGLIELMONE, A.  
2098 Ticks of the Southern Cone of America: diagnosis, distribution and hosts  
2099 with taxonomy, ecology and sanitary importance. Elsevier, 2017. 372p.
- 2100 NAVA, S., VENZAL, J.M., TERASSINI, F.A., MANGOLD, A.J., CAMARGO,  
2101 L.M., CASÁS, G., LABRUNA, M.B. *Ornithodoros guaporensis* (Acari,  
2102 Ixodida: Argasidae), a new tick species from the Guapore River Basin in  
2103 the Bolivian Amazon. **Zootaxa**, v. 3666, p. 579-590, 2013.
- 2104 NOGUEIRA, C.E.W., SILVA S.S., NIZOLI Q., RIBAS L.M., ALBUQUERQUE  
2105 L.P.A.N. Efeito quimioprolifático do dipropionato de imidocarb na pre-  
2106 venção da agudização de babesiose equina em cavalos portadores  
2107 da infecção. **Hora Vet**, v. 146, p. 14-17, 2005.
- 2108 NOGUEIRA R.M.S., SILVA A.B., SATO T.P., SÁ J.C., SANTOS A.C.G.,  
2109 AMORIM FILHO E.F., VALE T.L., GAZÊTA G.S. Molecular and  
2110 serological detection of *Theileria equi*, *Babesia caballi* and *Anaplasma*  
2111 *phagocytophilum* in horses and ticks in Maranhão, Brazil. **Pesquisa**  
2112 **Veterinária Brasileira**, v. 37, n. 12, p. 1416-1422, 2017.
- 2113 NEUPANE K, KASWAN D. *Coxiella Burnetii*. [Updated 2020 May 30]. In:  
2114 StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2020  
2115 Jan-. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK557893/>
- 2116 OBIÉGALA, A., PFEFFER, M., PFISTER, K., KARNATH, C., SILAGHI, C.  
2117 Molecular examinations of *Babesia microti* in rodents and rodent-  
2118 attached ticks from urban and sylvatic habitats in Germany. **Ticks tick**  
2119 **borne diseases**, v. 6, n. 4, p. 445-449, 2015.

- 2120 OGRZEWALSKA, M., PINTER, A. Ticks (Acari: Ixodidae) as ectoparasites of  
2121 Brazilian wild birds and their association with rickettsial diseases.  
2122 **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 53,  
2123 n. 1, p. 1-31, 2016.
- 2124 OLIVEIRA, J.M.B., ROZENTAL, T., DE LEMOS, E.R.S., FORNEAS, D.,  
2125 ORTEGA-MORA, L.M., PORTO, W.J.N., OLIVEIRA, A.A.F., MOTA, R.A.  
2126 *Coxiella burnetii* in dairy goats with a history of reproductive disorders in  
2127 Brazil. **Acta Tropica**, v. 183, p. 19-22, 2018.
- 2128 PACHECO, R.C., HORTA, M.C., MORAES-FILHO, J., ATALIBA, A.C., PINTER,  
2129 A., LABRUNA, M.B. Rickettsial infection in capybaras (*Hydrochoerus*  
2130 *hydrochaeris*) from São Paulo, Brazil: serological evidence for infection  
2131 by *Rickettsia bellii* and *Rickettsia parkeri*. **Biomedica**, v. 27, n. 3, p. 364-  
2132 71, 2007.
- 2133 PACHECO, R.C., ECHAIDE, I.E., ALVES, R.N., BELETTI, M.E., NAVA, S.,  
2134 LABRUNA, M.B. *Coxiella burnetii* in ticks, Argentina. **Emerging**  
2135 **Infectious Diseases**, v. 19, n. 2, p. 344-6, 2013.
- 2136 PACHECO, S. M.; SODRÉ, M.; GAMA, A.R.; BREDT, A.;  
2137 CAVALLINISANCHES, E. M.; MARQUES, R. V.; GUIMARÃES, M. M.;  
2138 BIANCONI, G. Morcegos urbanos: status do conhecimento e plano de  
2139 ação para a conservação no Brasil. **Chiroptera Neotropical**, v.16, n. 1,  
2140 2010.
- 2141 PADDOCK, C.D., ALLERDICE, M.E., KARPATHY, S.E., NICHOLSON, W.L.,  
2142 LEVIN, M.L., SMITH, T.C., BECKER, T., DELPH, R.J., KNIGHT, R.N.,  
2143 RITTER, J.M., SANDERS, J.H., GODDARD, J. Isolation and  
2144 characterization of a unique strain of *Rickettsia parkeri* associated with  
2145 the hard tick *Dermacentor parumapertus* Neumann in the western United  
2146 States. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 83, n. 9, 2016.
- 2147 PAGLIA, A.P., FONSECA, G.A.B., RYLANDS, A.B., HERRMANN, G., AGUIAR,  
2148 L.M.S., CHIARELLO, A.G., LEITE, Y.L.R., COSTA, L.P., SICILIANO, S.,  
2149 KIERULLFF, M.C.M., MENDES, S.L., TAVARES, V.C., MITTEMEIER,  
2150 R.A., PATTON, J.L. Annotated checklist of Brazilian mammals. In:  
2151 ARLINGTON, V.A. (Ed.), Occasional Papers in Conservation Biology.  
2152 Belo Horizonte: Conservational Biology, 2012, p. 1-76.
- 2153 PAIVA, K.A.R.P., PEREIRA, J.S.P., FONSECA, Z.A.A.S., COELHO, W.A.C.,  
2154 TEIXEIRA, G.M.S.L., OLIVEIRA, M.F., AHID, S.M.M. *Rickettsia*  
2155 *amblyommii* associado a roedores e marsupiais nativos da Estação  
2156 Experimental Rafael Fernandes da UFERSA, Rio Grande do Norte.  
2157 **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 37, n. 6, p. 621-626, 2017.  
2158 <https://doi.org/10.1590/S0100-736X2017000600015>
- 2159 PAROLA P, PADDOCK CD, RAOULT D. Tick-borne rickettsioses around the  
2160 world: emerging diseases challenging old concepts. **Clinical**  
2161 **Microbiology Reviews**, v. 18, p. 719–756, 2005.
- 2162 PAROLA, P., PADDOCK, C.D., SOCOLOVSKI, C., LABRUNA, M.B.,  
2163 MEDIANNIKOV, O., KERNIF, T., ABDAD, M.Y., STENOS, J., BITAM, I.,

- 2164 FOURNIER, P.E., et al. Update on tick-borne rickettsioses around the  
2165 world: a geographic approach. **Clinical Microbiology Reviews**, v. 26, n.  
2166 4, p. 657-702, 2013.
- 2167 PAROLA, P., RAOULT, D. Ticks and tick-borne bacterial human diseases, an  
2168 emerging infectious threat. **Clinical Infectious Diseases**, v. 32, p. 897–  
2169 928, 2001.
- 2170 PATTON, J.L., PARDIÑAS, U.F.J., D'ELÍA, G. Mammals of South America.  
2171 Chicago: University Of Chicago Press, 2015.
- 2172 PAVAN, S.E. A revision of the *Monodelphis glirina* group (Didelphidae:  
2173 Marmosini), with a description of a new species from Roraima, Brazil.  
2174 **Journal of Mammalogy**, v. 100, n. 1, p. 103–117, 2019.
- 2175 PAVAN, S.E., MENDES-OLIVEIRA, A.C., VOSS, R.S. A new species of  
2176 *Monodelphis* (Didelphimorphia: Didelphidae) from the Brazilian Amazon.  
2177 **American Museum Novitates**, v. 3872, p. 1-20, 2017.
- 2178 PAZIEWSKA, A., HARRIS, P.D., ZWOLIŃSKA, L., BAJER, A., SIŃSKI, E.  
2179 Recombination within and between species of the alpha proteobacterium  
2180 Bartonella infecting rodents. **International Society for Microbial  
2181 Ecology**, v.61, n.1, pp.134-145, 2011.
- 2182 PECKLE, M., LUZ, H.R., LABRUNA, M.B., SERPA, M.C.A., LIMA, S.,  
2183 MATURANO, R., FACCINI, J.L.H., MCINTOSH, D. Multi-locus  
2184 phylogenetic analysis groups the New World bacterium *Rickettsia* sp.  
2185 strain ApPR with the Old World species *R. africae*; proposal of  
2186 "*Candidatus Rickettsia paranaensis*". **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 10,  
2187 n. 6, 101261, 2019.
- 2188 PEREIRA, J.S., MARTINS, T.F., MUÑOZ-LEAL, S.L., MARCOS, G.,  
2189 LABRUNA, M.B., PAIVA, K.A.R., OLIVEIRA, M.F., AHID, S.M.M.  
2190 Infestação por carrapatos Argasidae e Ixodidae em pequenos mamíferos  
2191 silvestres da Estação Experimental Rafael Fernandes, Mossoró/RN.  
2192 **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 741-748, 2017.
- 2193 PERLES, L., ROQUE, A.L.R., D'ANDREA, P.S., LEMOS, E.R.S., SANTOS,  
2194 A.F., MORALES, A.C., MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Genetic diversity  
2195 of *Hepatozoon* spp. in rodents from Brazil. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1,  
2196 p. 10122, 2019.
- 2197 PERLES, L., IKEDA, P., FRANCISCO, G.V., TORRES, J.M., OLIVEIRA, C.E.,  
2198 LOURENÇO, E.C., HERRERA, H.M., MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R.  
2199 Molecular detection of *Hepatozoon* spp. in non-hematophagous bats in  
2200 Brazil. **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 11, n. 3, p. 101401, 2020.
- 2201 PICELLI, A.M., DA SILVA, M.R.L., RAMIRES, A.C., et al. Redescription of  
2202 *Hepatozoon ameivae* (Carini and Rudolph, 1912) from the lizard *Ameiva  
2203 ameiva* (Linnaeus, 1758). **Parasitology Research**, v. 119, n. 8, p. 2659-  
2204 2666, 2020.
- 2205 PINTER, A., LABRUNA, M.B. Isolation of *Rickettsia rickettsii* and *Rickettsia  
2206 bellii* in cell culture from the tick *Amblyomma aureolatum* in Brazil.

- 2207           **Annals of the New York Academy of Sciences**, v. 1078, p. 523-529,  
2208           2006.
- 2209    POSADA, D., BUCKLEY, T.R. Model selection and model averaging in  
2210           phylogenetics: advantages of akaike information criterion and bayesian  
2211           approaches over likelihood ratio tests. **Systematic Biology**, v. 53, n. 5,  
2212           793-808, 2004.
- 2213    RAMIREZ DG, LUZ HR, MUÑOZ-LEAL S, MUÑOZ-LEAL, S, FLAUSINO, W.,  
2214           ACOSTA, I., MARTINS, T.F., PECKLE, M., SANTOS, H.F., FURUSAWA,  
2215           G.P., LABRUNA, M.B., FACCINI, J.L.H. Immature ticks on wild birds and  
2216           the molecular detection of a novel *Rickettsia* strain in the Ibitipoca State  
2217           Park, southeastern Brazil. **Experimental and Applied Acarology**, v. 81,  
2218           n. 3, p. 457-467, 2020.
- 2219    RAMOS, D.G., MELO, A.L., MARTINS, T.F., ALVES, A.S., PACHECO, T.A.,  
2220           PINTO, L.B., PINHO, J.B., LABRUNA, M.B., DUTRA, V., AGUIAR, D.M.,  
2221           PACHECO, R.C. Rickettsial infection in ticks from wild birds from  
2222           Cerrado and the Pantanal region of Mato Grosso, midwestern  
2223           Brazil. **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 6, n. 6, 836-842, 2015.
- 2224    REEVES, W.K., LOFITS, A.D., SANDERS, F., SPINKS, M.D., WILLS, W.,  
2225           DENILSON, A.M., DASH, G.A., *Borrelia*, *Coxiella* and *Rickettsia* in  
2226           *Carios capensis* (Acari: Argasidae) from a brown pelican (*Pelecanus*  
2227           *accidentalis*) rookery in South Carolina, USA. **Experimental and**  
2228           **Applied Acarology**, v. 39, p. 321-329, 2006.
- 2229    REGNERY, R.L., SPRUIL, C.L., PLIKAYTIS, B.D. Genotypic identification of  
2230           rickettsiae and estimation of intraspecies sequence divergence for  
2231           portion of two Rickettsial gene. **Journal of Bacteriology**, v. 173, p.  
2232           1576-1589, 1991.
- 2233    REIS, N.R., FREGONEZI, M.N., PERACCHI, A.L., SHIBATTA, O.A. Morcegos  
2234           do Brasil: guia de campo. Rio de Janeiro: Technical Books, 252p. 2013.
- 2235    RENESTO, P., GOVERNENT, J., DRANCOURT, M., ROUX, V., RAOULT, D.  
2236           Use of rpoB Gene Analysis for Detection and Identification of Bartonella  
2237           Species. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 39, n. 2, p. 430–437,  
2238           2001.
- 2239    ROCCO, J.M., REGAN, K.M., LARKIN, J.L., EICHELBERGER, C., WISGO, J.,  
2240           NEALEN, P.M., IRANI, V.R. Higher prevalence of *Babesia microti* than  
2241           *borrelia burgdorferi* in small mammal species in central pennsylvania,  
2242           United States. **Vector Borne Zoonotic Diseases**, 2019.
- 2243    RODOLAKIS, A., BERRI, M., HÉCHARD, C., CAUDRON, C., SOURIAU, A.,  
2244           BODIER, C.C., BLANCHARD, B., CAMUSET. P., DEVILLECHAISE, P.,  
2245           NATORP, J.C., VADET, J.P., ARRICAU-BOUVERY. N. Comparison of  
2246           *Coxiella burnetii* shedding in milk of dairy bovine, caprine, and ovine  
2247           herds. **Journal of Animal Science**, v. 90, n. 12, p. 5352-60, 2007.
- 2248    RONQUISTS, F., HUELSENBECK, J.P. MrBAYES 3: Bayesian phylogenetic  
2249           inference under mixed models. *Bioinformatics*, Edam, v. 19, n. 12, p.

- 2250 1572-1574, 2003. Disponível em:  
2251 <http://www.biologie.uni.ulm.de/bio3/Batfly/key.html>.
- 2252 ROTONDANO, T.E., ALMEIDA, H.K., KRAWCZAK, F.S., SANTANA, V.L.,  
2253 VIDAL, I.F., LABRUNA, M.B., DE AZEVEDO, S.S., DE ALMEIDA, A.M.,  
2254 DE MELO, M.A. Survey of *Ehrlichia canis*, *Babesia spp.* and *Hepatozoon*  
2255 spp. in dogs from a semiarid region of Brazil. **Revista Brasileira de**  
2256 **Parasitologia Veterinária**, v. 24, n. 1, p. 52-8, 2015.
- 2257 ROZENTAL, T., FARIA, L.S., SILVA, M.R., RIBEIRO, J.B., ARAUJO, F.R.,  
2258 COSTA, R.R., LEMOS, E.R.S. Occurrence of *Coxiella burnetii* in Minas  
2259 raw milk cheese: preliminar results of a worrisome public health problem.  
2260 **Revista Médica de Minas Gerais**, V.28, Suppl.5, 2018.
- 2261 ROZENTAL, T., FERREIRA, M. S., GUTERRES, A., MARES-GUIA, M. A.,  
2262 TEIXEIRA, B. R., GONÇALVES, J., BONVICINO, C. R., D'ANDREA, P.  
2263 S., LEMOS, E. R. S. Zoonotic pathogens in Atlantic Forest wild rodents in  
2264 Brazil: *Bartonella* and *Coxiella* infections. **Acta Tropica**, v. 168, p. 64-73,  
2265 2017.
- 2266 ROZENTAL, T., MASCARENHA, L.F., ROZENBAUM, R., GOMES, R.,  
2267 MATTOS, G.S., MAGNO, C.C., ALMEIDA, D.N., ROSSI, M.I.,  
2268 FAVACHO, A.R., DE LEMOS, E.R. *Coxiella burnetii*, the agent of Q fever  
2269 in Brazil: its hidden role in seronegative arthritis and the importance of  
2270 molecular diagnosis based on the repetitive element IS1111 associated  
2271 with the transposase gene. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v.  
2272 107, p. 695-697, 2012.
- 2273 ROZENTAL, T., FARIA, L.S., FORNEAS, D., GUTERRES, A., RIBEIRO, J.B.,  
2274 ARAÚJO, F.R., LEMOS, E.R.S., SILVA, M.R. First molecular detection of  
2275 *Coxiella burnetii* in Brazilian artisanal cheese: a neglected food safety  
2276 hazard in ready-to-eat raw-milk product. **Brazilian Journal of Infectious**  
2277 **Diseases**, v. 24, n. 3, p. 208-212, 2020.
- 2278 SANGIONI, L. A., HORTA, M.C., VIANNA, M.C.B., GENNARI, S.M., SOARES,  
2279 R.M., GALVÃO, M.A.M., SCHUMAKER, T.T.S., FERREIRA, F.,  
2280 VIDOTTO, O., LABRUNA, M.B. Rickettsial infection in animals and  
2281 Brazilian Spotted Fever endemicity. **Emerging Infectious Diseases**, v.  
2282 11, p. 265-269, 2005.
- 2283 SANTOS, E.C.F., MOURA-MARTINIANO, N.O., VILELA, R.V., LUCIO, C.S.,  
2284 SILVA, A.F., OLIVEIRA, S.V., GAZETA, G.S. *Hepatozoon* Infecting Bats  
2285 in the Southeastern Brazilian Rainforest. **Journal of Wildlife Diseases**,  
2286 v. 56, n. 3, p. 693-697, 2020.
- 2287 SARAIVA, D.G., FOURNIER G.F.S.R., MARTINS T.F., LEAL K.P.G., VIEIRA  
2288 F.N., CÂMARA E.M. V.C., COSTA C.G., ONOFRIO V.C., BARROS-  
2289 BATTESTI D.M., GUGLIELMONE A.A., LABRUNA M.B. Ticks (Acari:  
2290 Ixodidae) associated with small terrestrial mammals in the state of Minas  
2291 Gerais, southeastern Brazil. **Experimental and Applied Acarology**, v.  
2292 58, p. 159-166, 2012.

- 2293 SARAIVA, D.G., NIERI-BASTOS, F.A., HORTA, M.C., SOARES, H.S.,  
2294 NICOLA, P.A., PEREIRA, L.C.M., LABRUNA, M.B. *Rickettsia amblyommii*  
2295 infecting *Amblyomma auricularium* ticks in Pernambuco, Northeastern  
2296 Brazil: isolation, transovarial transmission, and trans-stadial perpetuation.  
2297 **Vector Borne Zoonotic Diseases**, v. 13, p. 615–618, 2013.
- 2298 SCHOTT, D., SOUZA, U.A., DALL'AGNOL, B., WEBSTER, A., DOYLE, R.,  
2299 PETERS, F., FAVARINI, M., MAZIM, F., ROSA, A.O., JARDIM, M.M.A.,  
2300 TRIGO, T.C., RECK, J. Detection of *Rickettsia* spp. and *Bartonella* spp.  
2301 in *Ctenocephalides felis felis* fleas from free-ranging crab-eating foxes  
2302 (*Cerdocyon thous*). **Medical and Veterinary Entomology**, v. 33, n. 4, p.  
2303 536-540, 2019.
- 2304 SEMEDO, T.B.F., BRANDÃO, M.V., CARMIGNOTTO, A.P., NUNES, M.S.,  
2305 FARIAS, I.P., SILVA, M.N.F., ROSSI, R.V. Taxonomic status and  
2306 phylogenetic relationships of *Marmosa agilis* peruana Tate, 1931  
2307 (Didelphimorphia: Didelphidae), with comments on the morphological  
2308 variation of *Gracilinanus* from central–western Brazil. **Zoological**  
2309 **Journal of the Linnean Society**, v. 173, p. 190–216, 2015.
- 2310 SERRA-FREIRE, N.M. CASO ÍNDICE DE BABESIOSE HUMANA NO RIO DE  
2311 JANEIRO, BRASIL. ISSN 2179-5037. v. 7, n. 15 (2014). Revista  
2312 UNIABEU Belford Roxo V.7 Número 15 janeiro- abril 2014
- 2313 SIGURJONSDOTTIR, V.K., FEDER, H.M.JR., WORMSER, G.P. Anaplasmosis  
2314 in pediatric patients: Case report and review. **Diagnostic Microbiology**  
2315 **and Infectious Disease**, v. 89, 3, p. 230-234, 2017.
- 2316 SIKES, R.S., BRYAN, J.A., BYMAN, D., DANIELSON, B.J., EGGLESTON, J.,  
2317 GANNON, M.R., GANNON, W.L., HALE, D.W., JESMER, B.R., ODELL,  
2318 D.K., OLSON, L.E., STEVENS, R.D., THOMPSON, T.A., TIMM, R.M.,  
2319 TREWHITT, S.A., WILLOUGHBY, J. R. Guidelines of the American  
2320 Society of Mammalogists for the use of wild mammals in research and  
2321 education. **Journal of Mammalogy**, v. 97, n. 3, p. 663–688, 2016.
- 2322 SILVA, N., EREMEEVA, M.E., ROZENTAL, T., RIBEIRO, G.S., PADDOCK,  
2323 C.D., RAMOS, E.A., FAVACHO, A.R., REIS, M.G., DASCH, G.A., DE  
2324 LEMOS, E.R., KO, A.I. Eschar-associated Spotted Fever Rickettsiosis,  
2325 Bahia, Brazil. **Emerging Infectious Diseases**, v. 17, n. 2, p. 275-278,  
2326 2011.
- 2327 SILVA, M.R.L.D., FORNAZARI, F., DEMONER, L.C., TEIXEIRA, C.R.,  
2328 LANGONI, H., O'DWYER, L.H. *Didelphis albiventris* naturally infected  
2329 with *Hepatozoon canis* in southeastern Brazil. **Ticks Tick Borne**  
2330 **Diseases**, v. 8, n. 6, p. 878-881, 2017.
- 2331 SILVA, M.R.L., MATTOSO, C.R.S., COSTA, A., SAITO, M.E., TCHAICKA, L.,  
2332 O'DWYER, L.H. *Rangelia vitalii* and *Hepatozoon canis* coinfection in  
2333 pampas fox *Lycalopex gymnocercus* from Santa Catarina State, Brazil.  
2334 **Brazilian Journal of Veterinary Parasitology**, v. 27, n. 3, p. 377-383,  
2335 2018a.

- 2336 SILVA MRLD, FORNAZARI F, MARTINS TF, HIPÓLITO, A.G., ROLIM, L.S.,  
2337 BISCA, J.M., TEIXEIRA, C.R., O'DWYER, L.H. A survey of  
2338 hemoparasites and ectoparasites in *Nasua nasua* Linnaeus, 1766 with a  
2339 redescription of *Hepatozoon procyonis* Richards, 1961 based on  
2340 morphological and molecular data. **Parasitology Research**, v. 117, n. 7,  
2341 p. 2159–2169, 2018b. SILVA, A.B., CARDOSO, K.M., DE OLIVEIRA,  
2342 S.V., COSTA, R.M.F., OLIVEIRA, G., AMORIM, M., ALVES, L.C.,  
2343 MONTEIRO, M.F.M., GAZETA, G.S. *Rickettsia amblyommatis* infecting  
2344 *Amblyomma pseudoconcolor* in area of new focus of spotted fever in  
2345 northeast Brazil. **Acta Tropica**, v. 182, 305-308, 2018c.
- 2346 SILVEIRA, I., MARTINS, T.F., OLEGÁRIO, M.M., PETER, K.A.C., GUEDES,  
2347 E., FERREIRA, F., LABRUNA, M.B.. Rickettsial Infection In Animals,  
2348 Humans And Ticks In Paulicéia, Brazil. **Zoonoses Public Health**. v. 62,  
2349 n. 7, p. 525-533, 2015.
- 2350 SILVEIRA, J.A., D'ELIA, M.L., DE OLIVEIRA AVELAR, I., DE ALMEIDA, L.R.,  
2351 DOS SANTOS, H.A., DE MAGALHÃES, SOARES D.F., RIBEIRO, M.F.,  
2352 DOS SANTOS LIMA, W. ECCO, R. *Rangelia vitalii* in a free-ranging  
2353 maned wolf (*Chrysocyon brachyurus*) and co-infections. **International  
2354 Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 22, n. 5, p. 280-  
2355 285, 2016.
- 2356 SOARES, H.S., BARBIERI, A.R.M., MARTINS, T.F., MINERVINO, A.H.H.,  
2357 LIMA, J.T.R., MARCILI, A., GENNARI, S.M., LABRUNA, M.B. Ticks and  
2358 rickettsial infection in wildlife of two regions of the Brazilian Amazon.  
2359 **Experimental and Applied Acarology**, v. 65, p. 125-140, 2015.
- 2360 SOARES, H.S., MARCILI, A., BARBIERI, A.R.M., MINERVINO, A.H.H.,  
2361 MOREIRA, T.R., GENNARI, S.M., LABRUNA, M.B. Novel piroplasmid  
2362 and *Hepatozoon* organisms infecting the wildlife of two regions of the  
2363 Brazilian Amazon. **International Journal for Parasitology: Parasites  
2364 and Wildlife**, v. 6, p. 115–121, 2017.
- 2365 SOUSA, K.C.M., FERNANDES, M.P., HERRERA, H.M., BENEVENUTE, J.L.,  
2366 SANTOS, F.M., ROCHA, F.L., BARRETO, W.T.G., MACEDO, G.C.,  
2367 CAMPOS, J.B., MARTINS, T.F., PINTO, P.C.E.A., BARROS-BATTESTI,  
2368 D., PIRANDA, E.M., CANÇADO, P.H.D., MACHADO, R.Z., ANDRÉA,  
2369 M.R. Molecular detection of *Hepatozoon* spp. in domestic dogs and wild  
2370 mammals in southern Pantanal, Brazil with implications in the  
2371 transmission route. **Veterinary Parasitology**, v. 237, p. 37–46, 2017.
- 2372 SOUSA, K.C.M., AMARAL, R.B., HERRERA, H.M., SANTOS, F.M., MACEDO,  
2373 G.C., ANDRADE PINTO, P.C.E., BARROS-BATTESTI, D.M.,  
2374 MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Genetic Diversity of *Bartonella* spp. in  
2375 Wild Mammals and Ectoparasites in Brazilian Pantanal. **Microbial  
2376 Ecology**, v. 76, n. 2, p. 544-554, 2018a.
- 2377 SOUSA, K.C.M., FERNANDES, M.P., HERRERA, H.M., FRESCHI, C.R.,  
2378 MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Diversity of piroplasmids among wild

- 2379 and domestic mammals and ectoparasites in Pantanal wetland, Brazil.  
2380 **Ticks Tick Borne Diseases**, v. 9, n; 2, p.245-253, 2018b.
- 2381 SOUZA, E.A.R., CASTRO, E.M.S., OLIVEIRA, G.M.B., AZEVEDO, S.S.,  
2382 PEIXOTO, R.M., LABRUNA, M.B., HORTA, M.C. Serological diagnosis  
2383 and risk factors for *Coxiella burnetii* in goats and sheep in a semi-arid  
2384 region of Northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia**  
2385 **Veterinária**, v. 27, n. 4, p. 514-520, 2018.
- 2386 SPONCHIADO J., MELO G.L., MARTINS T.F., KRAWCZAK F.S., LABRUNA  
2387 M.B., CÁCERES N.C. Association patterns of ticks (Acari: Ixodida:  
2388 Ixodidae, Argasidae) of small mammals in Cerrado fragments, western  
2389 Brazil. **Experimental and Applied Acarology**, v. 65, p. 389-401, 2015.
- 2390 STOVER, B.C., MULLER, K.F. TreeGraph 2: Combining and visualizing  
2391 evidence from different phylogenetic analyses. **BMC Bioinformatics**,  
2392 v.11, n. 7, p. 1-9, 2010.
- 2393 STUCKEY, M. J., CHOMEL, B. B., DE FLEURIEU, E. C., AGUILAR-SETIÉN,  
2394 A., BOULOUIS, H.-J., CHANG, C. *Bartonella*, bats and bugs: A review.  
2395 **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v.  
2396 55, p. 20–29, 2017a.
- 2397 STUCKEY, M.J., CHOMEL, B.B., GALVEZ-ROMERO, G., OLAVE-LEYVA, J.I.,  
2398 OBREGÓN-MORALES. C., MORENO-SANDOVAL, H., ARÉCHIGA-  
2399 CEBALLOS, N., SALAS-ROJAS, M., AGUILAR-SETIÉN A. Bartonella  
2400 Infection in Hematophagous, Insectivorous, and Phytophagous Bat  
2401 Populations of Central Mexico and the Yucatan Peninsula. **The**  
2402 **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**,, v. 97, n. 2, p.  
2403 413-422, 2017b.
- 2404 SUÁREZ-VILLOTA, E.Y., CARMIGNOTTO, A.P., BRANDÃO, M.V.,  
2405 PERCEQUILLO, A.R., SILVA, M.J.J. Systematics of the genus *Oecomys*  
2406 (Sigmodontinae: Oryzomyini): molecular phylogenetic, cytogenetic and  
2407 morphological approaches reveal cryptic species. **Zoological Journal of**  
2408 **the Linnean Society**, v. 184, n. 1, p. 182-210, 2018.
- 2409 TORRES, D.M.AG.V., DIAS, R.M.S., CHIEFFI, P.P., TOLEZANO, J.E.,  
2410 NAGAMORI, A.H. Hemoparasitas de quirópteros emarsupiais  
2411 capturados no estado de São Paulo, Brasil. **Revista do Instituto**  
2412 **Adolfo Lutz**, v. 43, p. 47–53, 1983.
- 2413 THOMPSON, J.D., GIBSON, T.J., PLEWNIK, F., JEANMOUGIN, F.,  
2414 HIGGINS, D.G. The CLUSTAL\_X windows interface: flexible strategies  
2415 for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. **Nucleic**  
2416 **Acids Research**, v. 25, n. 24, p. 4876–4882, 1997.
- 2417 THOMPSON, J.D., HIGGINS, D.G., GIBSON, T.J. CLUSTAL W: improving the  
2418 sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence  
2419 weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice.  
2420 **Nucleic Acids Research**, v. 22, n. 22, p. 4673-4680, 1994.

- 2421 TRAPP, S.M., MESSICK, J.B, VIDOTTO, O., JOJIMA, F.S., DE MORAIS, H.S.  
2422 *Babesia gibsoni* genotype Asia in dogs from Brazil. **Veterinary**  
2423 **Parasitology**, v., 141, n. 1-2, p. 177-80, 2006.
- 2424 ÚNGARI, L.P., SANTOS, A.L.Q., O'DWYER, L.H., DA SILVA, M.R.L.,  
2425 RODRIGUES SANTOS, T.C., DA CUNHA, M.J.R., PINTO, R.M.C.,  
2426 CURY, M.C. Molecular characterization and identification of *Hepatozoon*  
2427 species Miller, 1908 (Apicomplexa: Adeleina: Hepatozoidae) in captive  
2428 snakes from Brazil. **Parasitology Research**. 2018.
- 2429 VANNIER, E., KRAUSE, P.J. Human Babesiosis. **New England Journal of**  
2430 **Medicine**, v. 366, n. 25, p. 2397-407, 2012.
- 2431 VANNIER, E.G., DIUK-WASSER, M.A., BEM, M.C., KRAUSE, P.J. Babesiosis.  
2432 **Infectious Disease Clinics of North America**, v. 29, n. 2, p.357–70,  
2433 2015.
- 2434 VELHO, P.E.N.F. Estudo das bartoneloses humanas e da *Bartonella henselae*:  
2435 infecção experimental, microbiologia e microscopia de luz e eletrônica de  
2436 transmissão [dissertação]. Campinas (SP): Faculdade de Ciências  
2437 Médicas da Universidade Estadual de Campinas; 2001.
- 2438 VENZAL J.M., ESTRADA-PEÑA, A., MANGOLD, A.J., GONZÁLEZ-ACUÑA, D.,  
2439 GUGLIELMONE, A.A. The *Ornithodoros (Alectorobius) talaje* species  
2440 group (Acari: Ixodida: Argasidae): description of *Ornithodoros (Alec-*  
2441 *torobius) rioplatensis* n. sp. from southern South America. **Journal of**  
2442 **Medical Entomology**, v. 45, p. 832–840, 2008.
- 2443 VOTYPKA, J., MODRY, D., OBORNIK, M., SLAPETA, J., LUKES, J.  
2444 Apicomplexa, in Handbook of the Protists, eds Archibald J. M., Simpson  
2445 A. G. B., Slamovits C. H., editors. (Cham: Springer International  
2446 Publishing AG), pp. 1–58, 2017.
- 2447 WEINERT, L.A., WERREN, J.H., AEBI, A., STONE, G.N., JIGGINS, F.M.  
2448 Evolution and diversity of Rickettsia bacteria. **BMC Biology**, v. 7, p. 6,  
2449 2009. Doi: 10.1186/1741-7007-7-6.
- 2450 WEKSLER, M., LEMOS, E.M.S., D'ANDREA, P.S., BONVICINO, C.R. The  
2451 taxonomic status of *Oligoryzomys mattogrossae* (Allen 1916) (Rodentia:  
2452 Cricetidae: Sigmodontinae), reservoir of *Anajatuba Hantavirus*.  
2453 **American Museum Novitates**, v. 3880, p. 1-32, 2017.
- 2454 WITTER, R., MARTINS, T.F., CAMPOS, A.K., MELO, A.L.T., CORRÊA, S.H.R.,  
2455 MORGADO, T.O., WOLF, R.W., MAY-JÚNIOR, J.A., SINKOC, A.L.,  
2456 STRUSSMANN, C., AGUIAR, D.M., ROSSI, R.V., SEMEDO, T.B.F.,  
2457 CAMPOS, Z., DESBIEZ, A.L.J., LABRUNA, M.B., PACHECO, R.C.  
2458 Rickettsial infection in ticks (Acari: Ixodidae) of wild animals in  
2459 midwestern Brazil. **Ticks Tick-Borne Diseases**, v. 7, p. 415–423, 2016.
- 2460 WOLF, R.W., ARAGONA, M., MUÑOZ-LEAL, S., PINTO, L.B., MELO, A.L.T.,  
2461 BRAGA, I.A., COSTA, J.D.S., MARTINS, T.F., MARCILI, A., PACHECO,  
2462 R.D.C., LABRUNA, M.B., AGUIAR, D.M. Novel Babesia and Hepatozoon  
2463 agents infecting non-volant small mammals in the Brazilian Pantanal,

- 2464 with the first record of the tick *Ornithodoros guaporensis* in Brazil. **Ticks**  
2465 **Tick Borne Diseases**, v. 7, p. 449–456, 2016.
- 2466 WRAY, A.K., OLIVAL, K.J., MORÁN, D., LOPEZ, M.R., ALVAREZ, D.,  
2467 NAVARRETE-MACIAS, I., LIANG, E., SIMMONS, N.B., LIPKIN, W.I.,  
2468 DASZAK, P., ANTHONY, S.J. Viral Diversity, Prey Preference, and  
2469 Bartonella Prevalence in *Desmodus rotundus* in Guatemala. **EcoHealth**,  
2470 v.13, n. 4, p. 761-774, 2016.
- 2471 YABSLEY, M.J., SHOCK, B.C. Natural history of Zoonotic Babesia: Role of  
2472 wildlife reservoirs. **International Journal for Parasitology: Parasites**  
2473 **and Wildlife**, v. 2, p. 18-31, 2013.
- 2474 YOUNG, K.M., CORRIN, T., WILHELM, B., UHLAND, C., GREIG, J.,  
2475 MASCARENHAS, M., WADDELL, L.A. Zoonotic *Babesia*: A scoping  
2476 review of the global evidence. **PLoS ONE**, v.14, n.12, 2019.
- 2477 ZANATTO, D.C.S., DUARTE, J.M.B., LABRUNA, M.B., TASSO, J.B., CALCHI,  
2478 A.C., MACHADO, R.Z., ANDRÉ, M.R. Evidence of exposure to *Coxiella*  
2479 *burnetii* in neotropical free-living cervids in South America. **Acta Tropica**  
2480 **Volume**, v. 197, p. 105037, 2019.
- 2481  
2482  
2483  
2484  
2485  
2486