



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA**  
**INSTITUTO EVANDRO CHAGAS - IEC**  
**MESTRADO EM SAÚDE E PRODUÇÃO ANIMAL NA AMAZÔNIA**

**SUELLEN DE OLIVEIRA PARDAIL**

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE *Bartonella* spp. NO TECIDO HEPÁTICO DE  
MORCEGOS DA AMAZÔNIA BRASILEIRA**

**Belém - PA  
2025**

**SUELLEN DE OLIVEIRA PARDAUIL**

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE *Bartonella* spp. NO TECIDO HEPÁTICO DE  
MORCEGOS DA AMAZÔNIA BRASILEIRA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural da Amazônia como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Saúde e Produção Animal da Amazônia - PPGSPAA, para obtenção de título de Mestre.

Área de Concentração: Saúde e Meio Ambiente.

Orientador: Dr. Washington Luiz Assunção Pereira.

Coorientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Marcella Katheryne Marques Bernal.

**BELÉM - PA  
2025**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
(CIP) Bibliotecas da Universidade Federal Rural da  
Amazônia

Gerada automaticamente mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

P226i

Pardaui, Suellen de Oliveira

Identificação molecular de *Bartonella* spp. No tecido hepático de morcegos da Amazônia brasileira / Suellen de Oliveira Pardaui. - 2025.

47 f. : il. color.

Dissertação (Mestrado em Saúde Produção Animal da Amazônia) - Programa de Pós-Graduação em Saúde e Produção Animal da Amazônia - PPGSPAA, Campus Universitário de Belém, Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, 2025.

Orientador: Prof. Dr. Washington Luiz Assunção Pereira

Coorientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Marcella Katheryne Marques Bernal

1.Bartonelose - zoonose. 2. Doença infecciosa. 3. Fígado - Identificação molecular. 4. Morcegos -Amazônia. I. Pereira, Washington Luiz Assunção, *orient.* II. Título

---

CDD 616.959

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA**  
**PRÓ-REITORIA DE PESQUISA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM SAÚDE E PRODUÇÃO ANIMAL NA**  
**AMAZÔNIA**

**SUELLEN DE OLIVEIRA PARDAUIL**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Saúde e Produção Animal da Universidade Federal Rural da Amazônia, como parte das exigências para o título de Mestre.

Belém, 31 de julho de 2025.

Data da aprovação.

**Banca Examinadora:**

Documento assinado digitalmente

 **WASHINGTON LUIZ ASSUNCAO PEREIRA**  
Data: 24/11/2025 13:11:21-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Prof. Dr. Washington Luiz Assunção Pereira**  
Universidade Federal Rural da Amazônia  
Orientador

Documento assinado digitalmente

 **MARCELLA KATHERYNE MARQUES BERNAL**  
Data: 17/11/2025 18:26:22-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Profª. Drª. Marcella Katheryne Marques Bernal**  
Universidade Federal Rural da Amazônia  
Coorientadora

Documento assinado digitalmente

 **PEDRO EDUARDO BONFIM FREITAS**  
Data: 17/11/2025 14:14:40-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Dr. Pedro Eduardo Bonfim Freitas - 1º Examinador**  
Instituto Evandro Chagas

Documento assinado digitalmente

 **SANDRO PATROCA DA SILVA**  
Data: 17/11/2025 16:25:41-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Prof. Dr. Sandro Patroca da Silva - 2º Examinador**  
Instituto Evandro Chagas

Documento assinado digitalmente

 **ALANNA DO SOCORRO LIMA DA SILVA**  
Data: 17/11/2025 17:24:57-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Prof.<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup>. Alanna do Socorro Lima da Silva - 3<sup>a</sup> Examinadora**  
Universidade Federal Rural da Amazônia

Documento assinado digitalmente

 **ADRIANA MACIEL DE CASTRO CARDOSO JAQUE**  
Data: 17/11/2025 18:13:32-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Prof.<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup>. Adriana Maciel de Castro Cardoso Jaques - Suplente**  
Universidade Federal Rural da Amazônia

## **AGRADECIMENTOS**

Ao Criador pela fé que ajudou-me a persistir no caminho com prudência.  
A minha mãe por ter sido a força que me amparou em todos os meus momentos.  
Aos amigos, sobretudo a Barbara e ao Max por estarem firmes ao meu lado.  
Aos meus orientadores (Prof. Dr. Washington Pereira e Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Marcella Bernal) pela sensatez, carinho e conhecimento nesses 5 anos de parceria produzindo ciência.  
Ao PPGSPAA pela oportunidade de ensino e aos colaboradores em especial ao Prof. Dr Thiago Carvalho e ao secretário Jayme pela seriedade e comprometimento no trabalho desenvolvido.  
À CAPES pelo suporte financeiro ao projeto e a disponibilização de bolsas.  
Ao Instituto Evandro Chagas pela execução da pesquisa.  
Ao SAHEP/IEC pelo suporte e carinho dos servidores (Pedro, Mônica, entre outros).  
Ao LABOPAT e pós-graduandos (Brenner, Carlos, Geise e Luciana) pelo auxílio nas coletas e necropsias.  
Ao Quiropterólogo (Neuder) pelo conhecimento, ajuda e material nas capturas.

## RESUMO

Bartonelose é uma zoonose global transmitida por vetores e causada pela *Bartonella*, um gênero de bactérias Gram-negativas intracelulares. É uma doença infecciosa reemergente e negligenciada. Infecta mamíferos e é transmitida por vetores artrópodes, causando manifestações clínicas inespecíficas. Diversos genótipos de *Bartonella* foram identificados em várias espécies de mamíferos selvagens e os morcegos são um reservatório significativo para numerosos patógenos, incluindo *Bartonella* spp. Eles são um grupo de mamíferos com um papel crucial na origem e disseminação da bactéria *Bartonella* entre regiões geográficas e entre outros grupos de mamíferos. Nos quirópteros, são encontrados vários táxons de artrópodes que se alimentam de sangue, o que pode ajudar na dispersão dessa bactéria. Reconhecendo as limitações associadas à detecção de espécies de *Bartonella* principalmente por meio de um único gene e empregando apenas um método de detecção, implementou-se a PCR convencional e foi utilizada duas regiões gênicas (*gltA* e *ITS*) com alta especificidade e sensibilidade, permitindo uma análise confiável da diversidade de *Bartonella*. O presente estudo investigou a ocorrência e a identidade molecular em amostras de fígado (n = 124) de morcegos de 32 espécies diferentes da região Amazônica. A amplificação da região *ITS* revelou a presença de DNA de *Bartonella* spp. em 6 morcegos 4,33% (6/124) as espécies foram *Artibeus jamaicensis*, *Carollia brevicauda*, *Glossophaga soricina alopecia*, *Mesophylla macconnelli*, *Molossus molossus*, *Sturnira lilium* e *Uroderma bilobatum*. A análise parcial do gene *gltA* avaliou as variantes genéticas de *Bartonella* em 1 das amostras positivas para *ITS* da espécie *Sturnira lilium*. Detectou-se uma taxa de prevalência de 5,64% (7/124) positivas para *Bartonella* sp. e apresentaram homologia com duas espécies do Brasil e três da Guatemala. Essa abordagem multifacetada teve como objetivo fornecer uma compreensão mais abrangente da prevalência de espécies de *Bartonella* entre pequenos mamíferos. Desse modo, verificou-se correlação entre o comportamento sinantrópico e a prevalência de *Bartonella* spp., sugerindo que há aumento do risco de transbordamento de morcegos para humanos em ambientes de várzea.

**Palavras-chave:** Bartonelose. Chiroptera neotropical. Fígado, Amazônia.

## ABSTRACT

Bartonellosis is a vector-borne global zoonosis caused by *Bartonella*, a genus of intracellular Gram-negative bacteria. It is a re-emerging and neglected infectious disease. It infects mammals and is transmitted by arthropod vectors, causing nonspecific clinical manifestations. Several *Bartonella* genotypes have been identified in several wild mammal species, and bats are a significant reservoir for numerous pathogens, including *Bartonella* spp. They are a group of mammals with a crucial role in the origin and spread of *Bartonella* bacteria across geographic regions and among other mammalian groups. In bats, several arthropod taxa are found that feed on blood, which can help in the dispersion of this bacterium. Recognizing the limitations associated with the detection of *Bartonella* species mainly by means of a single gene and employing only one detection method, conventional PCR was implemented and two gene regions (*gltA* and *ITS*) with high specificity and sensitivity were used, allowing a reliable analysis of *Bartonella* diversity. The present study investigated the occurrence and molecular identity in liver samples ( $n = 124$ ) of bats of 32 different species from the Amazon region. Amplification of the *ITS* region revealed the presence of *Bartonella* spp. DNA in 6 bats 4.33% (6/124) the species were *Artibeus jamaicensis*, *Carollia brevicauda*, *Glossophaga soricina alopecia*, *Mesophylla macconnelli*, *Molossus molossus*, *Sturnira lilium* and *Uroderma bilobatum*. Partial analysis of the *gltA* gene evaluated the genetic variants of *Bartonella* in 1 of the *ITS*-positive samples of the species *Sturnira lilium*. A prevalence rate of 5.64% (7/124) positive for *Bartonella* sp. was detected and showed homology with two species from Brazil and three from Guatemala. This multifaceted approach aimed to provide a more comprehensive understanding of the prevalence of *Bartonella* species among small mammals. Thus, a correlation was found between synanthropic behavior and the prevalence of *Bartonella* spp., suggesting that there is an increased risk of spillover from bats to humans in floodplain environments.

**Keywords:** Bartonellosis. Neotropical Chiroptera. Liver. Amazon

## **LISTA DE ILUSTRAÇÕES**

Figura 1 – Modelo de ciclo de vida de <i>Bartonella</i> .....	16
Figura 2 – Árvore filogenética do gênero <i>Bartonella</i> .....	26

## **LISTA DE TABELAS**

Tabela 1 - Morcegos neotropicais distribuídos em famílias, espécies e sexo .....	20
Tabela 2 – Morcegos neotropicais distribuídos em famílias, espécies e hábito alimentar.....	21
Tabela 3 - Morcegos neotropicais positivos para <i>Bartonella</i> sp.....	25

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	11
<b>2 OBJETIVOS.....</b>	13
2.1 Objetivo geral .....	13
2.2 Objetivos específicos .....	13
<b>3 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	14
3.1 Ordem Chiroptera: aspectos gerais .....	14
3.2 Morcegos na Amazônia.....	14
3.3 <i>Bartonella</i> sp.....	15
3.4 Ocorrência da <i>Bartonella</i> spp. no Brasil.....	17
3.5 Ocorrência da <i>Bartonella</i> spp. em morcegos.....	18
3.6 Diagnóstico .....	19
<b>4 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	20
4.1 Animais utilizados.....	20
4.2 Testes Moleculares .....	21
4.2.1 Extração do DNA.....	22
4.2.2 Amplificação da <i>gltA</i> .....	22
4.2.3 Amplificação de <i>ITS</i> .....	23
4.3.4 Análise dos produtos amplificados .....	23
4.3.5 Sequenciamento nucleotídico e análise filogenética.....	23
4.4 Análise estatística.....	24
4.5 Considerações bioéticas .....	24
<b>5 RESULTADO.....</b>	25
<b>6 DISCUSSÃO.....</b>	27
<b>7 CONCLUSÃO.....</b>	31
<b>Referências .....</b>	32
<b>ANEXO I.....</b>	39
<b>ANEXO II.....</b>	40
<b>ANEXO III.....</b>	42
<b>ANEXO IV .....</b>	44

## 1 INTRODUÇÃO

Os morcegos são os únicos mamíferos voadores e são membros da ordem Chiroptera, que contém mais de 1.432 espécies. Estes representam quase 25% de todas as espécies de mamíferos. Desempenham um papel importante como potenciais reservatórios de vários agentes infecciosos que têm causado doenças em todo o mundo. Estas doenças incluem nomeadamente *Lissavírus* da raiva e uma elevada diversidade de coronavírus, que podem causar síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e síndrome respiratória do Médio Oriente (MERS-CoV) (Poofery *et al.*, 2022).

*Bartonella* é um gênero de bactérias Gram-negativas intracelulares facultativas do grupo das proteobactérias alfa. Esses microrganismos apresentam tropismo por células endoteliais e eritrócitos, em especial em mamíferos. A *Bartonella* é transmitida principalmente por vetores, geralmente artrópodes hematófagos, como flebotomíneos, piolhos, pulgas e carapatos, embora também tenha sido encontrada em formigas e abelhas. Um total de 45 espécies ou genótipos de *Bartonella* foram descritos, todos com alto grau de diversidade molecular (Oliveira *et al.*, 2020).

*Bartonella* spp. foi relatada em mais de 60 espécies de morcegos em todo o mundo. Além disso, a diversificação das *Bartonellas* em morcegos parece ter seguido a diversificação dos morcegos, com o agrupamento de *Bartonellas* restrito a famílias únicas de morcegos (Braga *et al.*, 2020).

Mais de 10 espécies de *Bartonella*, incluindo *B. bacilo*, *B. quintana*, *B. henselae*, *B. elizabethae*, *B. claridgeiae*, *B. koehlerae*, *B. vinsonii* subsp. *arupensis*, *B. vinsonii* subsp. *Berkhoffii*, *B. Grahamii*, *B. rochalimae*, *B. Tamiae*, *B. ancashensis*, *B. washoensis*, podem causar doenças humanas com várias manifestações clínicas, incluindo períodos de febre intermitente e inflamação polietecidual envolvendo o coração, fígado, linfonodos e outros tecidos (Juan *et al.*, 2022).

Até o momento, três espécies detectadas em morcegos (*Bartonella tamiae*, *Candidatus Bartonella mayotimonensis* e *Candidatus Bartonella rousettii*) foram incriminadas como agentes zoonóticos (Franco, 2024). Esses patógenos causam manifestações que variam desde doenças assintomáticas e crônicas até anemia hemolítica grave devido à capacidade de adesão à superfície dos eritrócitos, causando indentação ou deformação da membrana da célula-alvo.

Animais com infecção aguda também podem apresentar anorexia, febre, icterícia e hipoglicemias, dependendo da espécie envolvida. Na sua maioria são consideradas como patógenos reemergentes e zoonóticos (Ikeda *et al.*, 2017). Doenças como a peliose bacilar é

frequentemente encontrada em órgãos como fígado e baço (Rebekah *et al.*, 2024). A doença caracteriza-se por lesões angioproliferativas associadas a dilatações capilares, formação de espaços cavernosos cheios de sangue afetando os respectivos órgãos e até a medula óssea (Loutit, 1997).

Entre os mamíferos, roedores e morcegos são frequentemente grupos relacionados como reservatórios naturais que abrigam a maior diversidade de *Bartonella* spp., com uma taxa de infecção de 70% em todo o mundo. *Bartonella* sp., é o gênero bacteriano mais relatado em morcegos amostrados no território brasileiro (Castelo-Branco *et al.*, 2023). Assim, investigar as características epidemiológicas de *Bartonella* em pequenos mamíferos tem implicações importantes para entendimento e prevenção da bartonelose humana (Juan *et al.*, 2022).

A transição demográfica reúne cada vez mais indivíduos em áreas densamente povoadas, as mudanças climáticas, a expansão da malha aérea e as desigualdades sociais aumentam o risco de epidemias. Doenças epidemiológicas no Brasil têm o potencial de se espalhar rapidamente pela população. Os morcegos são reconhecidos como um grupo-chave na manutenção de sistemas ecológicos. Além disso, os morcegos são excelentes bioindicadores de mudanças ambientais (Martins *et al.*, 2024; Pontes *et al.*, 2024).

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 Objetivo geral

Avaliar através de análise molecular a ocorrência de infecção por *Bartonella* spp. no fígado de quirópteros capturados na região amazônica brasileira.

### 2.2 Objetivos específicos

- Determinar a prevalência molecular de infecção por bactérias do gênero *Bartonella* no tecido hepático por reação em cadeia da polimerase (PCR) para amplificação parcial do gene citrato sintase (*gltA*) e espaçador transcrito interno (*ITS*);
- Desenvolver o sequenciamento nucleotídico do gene *gltA* e *ITS* e análise filogenética do gene *gltA* para caracterizar as espécies de *Bartonella* detectadas nas amostras positivas;
- Descrever as características ecoepidemiológicas e distribuição geográfica das espécies de quirópteros positivos para infecção por *Bartonella* spp., segundo a região de estudo.

### 3 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 Ordem Chiroptera: aspectos gerais

Os morcegos pertencem ao Reino Animalia, Filo Chordata, Classe Mammalia e ordem Chiroptera, que significa "mãos em forma de asas" (do grego: *kheir* = mão + *pteron* = asa). São animais de sangue quente, ou seja, possuem pelos para a regulação de sua temperatura. A ordem Chiroptera se divide em duas subordens: Megachiroptera e Microchiroptera (Albuquerque *et al.*, 2023).

A classificação das espécies de morcegos se faz conforme sua morfologia e hábitos alimentares, eles são divididos em insetívoros (insetos), frugívoros ou fitófagos (frutas, sementes e folhas), nectarívoros (néctar e pólen), piscívoros (peixes), onívoros (pequenos animais, como roedores, répteis, aves e outros morcegos) e hematófagos (exclusivamente, sangue). Os morcegos participam da preservação da natureza, dispersando sementes, auxiliando no controle de populações de insetos nocivos e animais daninhos à saúde, à agricultura e outros aspectos ambientais (Albuquerque *et al.*, 2023).

Estudos com quirópteros exigem paciência, dedicação e persistência, pois eles têm o hábito de voarem apenas à noite ou no crepúsculo, formarem colônias ou agrupamentos em locais de difícil acesso, serem ágeis e fugirem de pessoas menos experientes e/ou por poderem usar de diferentes áreas no interior dos abrigos durante o dia ou sazonalmente. Frequentemente são subamostrados ou desconsiderados ou não focalizados em inventários de fauna. Os quirópteros estão distribuídos globalmente, poupando apenas regiões polares, climas desérticos extremos e poucas ilhas oceânicas (Moraes-Ornellas; Ornellas, 2023).

#### 3.2 Morcegos na Amazônia

A Amazônia compreende muitos dos maiores rios do planeta e também abriga algumas das comunidades de morcegos mais ricas do mundo. Os rios são importantes barreiras geográficas para a dispersão e distribuição de diferentes táxons em todo o mundo e, particularmente, na região amazônica, formam as bases conceituais e empíricas para o reconhecimento das chamadas Áreas de Endemismo de vertebrados terrestres (Silva *et al.*, 2022).

A região amazônica (6,9 milhões km<sup>2</sup>) cobre mais de um terço da área total da região Neotropical, abrigando mais de 170 espécies de morcegos, o que representa mais de 10% da

diversidade mundial de morcegos, e mais de 100 espécies podem ser registradas em uma única localidade (Medlin *et al.*, 2010; Burgin *et al.*, 2018; Santos *et al.*, 2020).

Embora algumas espécies de morcegos sejam capazes de fazer dispersões de longa distância, muitas espécies neotropicais têm pequenas áreas de vida e requisitos ecológicos específicos, o que pode particularmente limitar suas áreas de distribuição e contribuir para a origem e manutenção de padrões de endemismo local (Arnone *et al.*, 2016; Esbérard *et al.*, 2017).

Apesar de contribuir com a maior parcela da diversidade de espécies, a Amazônia é uma enorme lacuna de conhecimento para a fauna de morcegos do Brasil. Existem registros formais de espécies de morcegos em menos de 24% do bioma Amazônia, contra cerca de 80% na Mata Atlântica, por exemplo. A maior parte das coletas e registros na Amazônia está concentrada em poucas áreas, geralmente de acesso rápido e de fácil logística, próximas aos maiores centros urbanos, como Manaus, Belém, Santarém ou Macapá, ou ao longo de alguns dos grandes rios da região (Bernard; Tavares; Sampaio, 2011).

Considerando 167 espécies para o Brasil com registros de pelo menos 146 espécies a Amazônia Legal abriga 87% da fauna de morcegos conhecida para o País, confirmando a importância do bioma para a diversidade nacional, não apenas para morcegos, mas para mamíferos em geral. Esta porcentagem é superior quando comparada a de outros grupos de animais. Por exemplo, a Amazônia tem cerca de 76% das espécies de aves, 42% das espécies de cobras e 39% das espécies de lagartos e anfíbios conhecidas no País (Marini e Garcia, 2005; Rodrigues, 2005).

### 3.3 *Bartonella* sp.

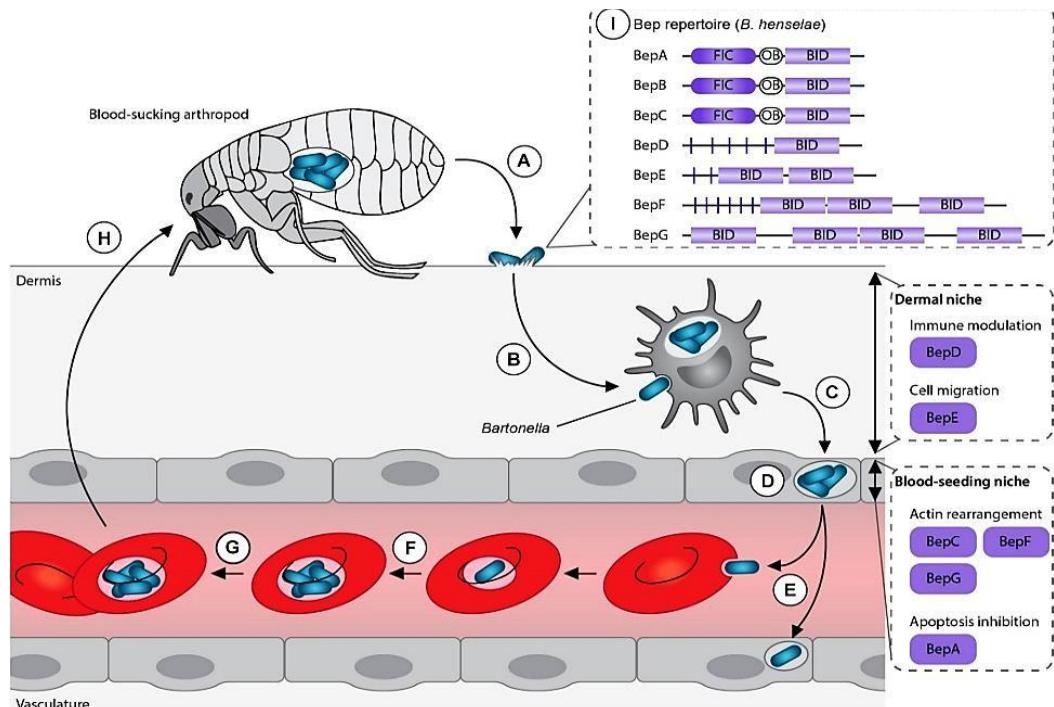
O gênero *Bartonella* (Alphaproteobacteria: Bartonellaceae) são bactérias intracelulares facultativas Gram-negativas (Brenner *et al.*, 1993) que foram descritas pela primeira vez em 1909. Desde a última reclassificação em 1993, o número de espécies de *Bartonella* aumentou para 45 a partir de Okaro *et al.* (2017) e, recentemente, novas espécies são identificadas e tem como classificação taxonômica: Classe: Alphaproteobacteria; Ordem: Rhizobiales; Família: Bartonellaceae; Gênero: *Bartonella*.

A transmissão de *Bartonella* entre hospedeiros é mediada principalmente por diversos vetores artrópodes sugadores de sangue, como pulgas, piolhos do corpo, carrapatos, flebotomíneos e outros. Esses patógenos têm uma ampla gama de hospedeiros mamíferos, incluindo, mas não se limitando a primatas, roedores, morcegos e gatos. No entanto, cada

espécie de *Bartonella* é tipicamente adaptada a um hospedeiro mamífero específico (Jin *et al.*, 2023).

Nos artrópodes, o ciclo de vida da maioria das espécies de *Bartonella* é dividido em replicação no intestino médio do trato intestinal e disseminação por excreção (Figura 1). O patógeno é liberado nas fezes dos artrópodes na pele dos mamíferos e pode ser inoculado superficialmente na derme ao coçar ou morder. A *Bartonella* com nicho dérmico pode penetrar nas células endoteliais facilitadas por células dendríticas e proteínas efetoras de *Bartonella* (Beps) (Siamer; Dehio, 2015; Fromm; Dehio, 2021).

Figura 1 – Modelo de ciclo de vida de *Bartonella*. (A) *Bartonellas* se replicam dentro do intestino médio de seu vetor artrópode e são secretadas com suas fezes. (B) Após a inoculação na derme, as bactérias colonizam o "nicho dérmico", que provavelmente inclui células dendríticas. Durante esse estágio de infecção, a regulação negativa da resposta imune mediada pela BepD pode desempenhar um papel essencial. (C) Considera-se que as células imuneadas migratórias disseminam a bactéria para o "nicho de semeadura de sangue", um processo que parece depender do BepE. (D) Dentro do "nicho de semeadura de sangue", as bactérias provavelmente colonizam células endoteliais, o que pode exigir a ação de BepC, BepF, BepG e BepA. (E) Do "nicho de semeadura de sangue", as *Bartonellas* são disseminadas na corrente sanguínea, onde invadem os eritrócitos. (F) As bactérias se replicam e (G) persistem até que (H) possam ser absorvidas durante a próxima refeição de sangue por outro artrópode. (I) Repertório representativo da proteína efetora *Bartonella* (Bep) do organismo modelo *B. henselae*.



Fonte: Fromm e Dehio, 2021.

Posteriormente, as bactérias residentes em células endoteliais entram na corrente sanguínea, invadem eritrócitos, multiplicam-se dentro deles e aguardam a próxima rodada de transmissão quando os artrópodes picam o hospedeiro mamífero infectado novamente (Fromm e Dehio, 2021; Jin *et al.*, 2023).

A bartonelose é uma das doenças bacterianas zoonóticas emergentes responsáveis por várias síndromes clínicas humanas que os morcegos podem transmitir. Pode se espalhar entre as populações de morcegos por meio de artrópodes hematófagos. Entre os ectoparasitas de morcegos, as moscas de morcegos (Diptera: Nycteribiidae e Streblidae) são um dos vetores potenciais comuns na transmissão e manutenção de *Bartonella* spp. em populações de morcegos (Peng *et al.*, 2024).

Os morcegos têm uma expectativa de vida muito longa em comparação com outros mamíferos de tamanho corporal semelhante, como os roedores. Isto pode fazer com que sirvam como reservatórios contribuindo para a manutenção e transmissão de *Bartonella* para outros animais e/ou humanos. Sabe-se que algumas espécies de morcegos transmitem infecções diretamente aos humanos. Por exemplo, o morcego vampiro comum (*Desmodus rotundus*) é reconhecido há muito tempo por transmitir o vírus da raiva aos humanos por meio de picadas em toda a América Latina, e são responsáveis pela etiologia de doenças locais não diagnosticadas em humanos e animais domésticos nos trópicos (Bay; Kosoy, 2012).

### 3.4 Ocorrência da *Bartonella* spp. no Brasil

No Brasil, apenas em 2014 a notificação da bartonelose tornou-se obrigatória no contexto do diagnóstico diferencial da febre maculosa, e a participação de animais domésticos, silvestres e humanos e a relação clínico-epidemiológica passaram a levantar uma série de questões ecológicas da interação entre esses grupos de hospedeiros. Neste contexto, no Estado do Rio de Janeiro, assim como em todo território nacional a manutenção do ciclo zoonótico em áreas urbanas e de reservas florestais, assim como a participação de vetores potenciais, ainda é pouco conhecida (Vanini; Furtado; Moratelli, 2023).

No Brasil, a ocorrência de *Bartonella* em roedores silvestres só foi confirmada por PCR em 2015, em amostras obtidas de sete espécies de roedores sigmodontíneos da região do Cerrado do Brasil central. Desde este estudo, *Bartonella* tem sido registrada em roedores silvestres de várias localidades brasileiras, em todos os biomas do País (Favacho *et al.*, 2015).

Em estudo conduzido por Oliveira *et al.* (2020), onze espécies de morcegos também testaram positivo para *Bartonella* por PCR, incluindo animais em áreas protegidas nos biomas

Amazônia e Cerrado, e na região da Mata Atlântica dos estados do Rio de Janeiro (Parque Estadual da Pedra Branca), Bahia (APA do Pratigi) e Santa Catarina (Parque Estadual da Serra do Tabuleiro). Até o momento, no entanto, nenhuma evidência de infecção por *Bartonella* foi encontrada em primatas não humanos brasileiros ou marsupiais.

As manifestações da bartonelose em humanos podem variar de infecções assintomáticas a infecções subclínicas e autolimitadas a doenças graves e com risco de vida. Até o momento, mais de 35 espécies diferentes de *Bartonella* foram identificadas, e mais de 15 delas podem causar doenças em humanos. Uma grande variedade de animais é considerada hospedeira e reservatório de *Bartonella*. Entre os mamíferos selvagens, taxas de infecção muito altas (superiores a 50%) de bartonelose são comuns (Stepanić *et al.*, 2024).

*Bartonella* sp., é o gênero bacteriano mais relatado em morcegos amostrados no território brasileiro (Castelo-Branco *et al.*, 2023). A ocorrência de tais patógenos já foi relatada em morcegos hematófagos e não hematófagos, bem como em seus ectoparasitos relacionados amostrados nos Estados de São Paulo, Espírito Santo, Mato Grosso do Sul, Pará, Minas Gerais, Mato Grosso, Paraná, Amazonas, Bahia, Tocantins, Santa Catarina, Maranhão e Rio de Janeiro (Pacheco *et al.*, 2024).

A mudança climática afeta indiretamente a disseminação de *Bartonella*, perturbando a proliferação de artrópodes sugadores de sangue. Quando o número de artrópodes sugadores de sangue aumenta durante condições quentes e úmidas, como durante um El Niño, a taxa de infecção de *Bartonella* também parece aumentar de forma correspondente. Essas descobertas destacam o papel crítico dos artrópodes sugadores de sangue na transmissão de *Bartonella* (Jin *et al.*, 2023).

No Brasil poucas informações estão disponíveis sobre a diversidade de *Bartonella*. Até agora, *B. henselae*, *B. quintana*, *B. claridgeiae*, *B. vinsonii* subsp. *berkhoffii* e *B. vinsonii* subsp. *arupensis* já foram identificadas infectando humanos e animais (Vanini; Furtado; Moratelli, 2023).

### 3.5 Ocorrência da *Bartonella* spp. em morcegos

As espécies de *Bartonella* são patógenos humanos emergentes. Os morcegos são conhecidos por carregar diversas espécies de *Bartonella*, algumas das quais são capazes de infectar humanos. No entanto, como o segundo maior grupo de mamíferos em várias espécies, o papel dos morcegos como reservatórios de espécies de *Bartonella* não é totalmente explorado, em termos de diversidade de espécies e distribuição mundial. A China, especialmente o norte

do país, abriga várias espécies endêmicas de morcegos insetívoros; no entanto, no país, os estudos sobre *Bartonella* em morcegos são escassos (Han *et al.*, 2017).

Bactérias transmitidas por vetores (*Bartonella*, *Rickettsia*, *Borrelia* e *Neorickettsia risticii*) foram detectadas no sangue e tecidos de órgãos de morcegos em todo o mundo. Nas espécies de morcegos ao Norte da Argentina e a primeira detecção em *M. nigricans*. Com base no marcador molecular *gltA*, foi encontrado uma alta diversidade de *Bartonella* nas espécies de morcegos estudadas, o que é consistente com relatos anteriores. *Bartonella* spp. encontrados na família Phyllostomidae foram relacionados a achados anteriores da família do Novo Mundo (América do Sul e Central), enquanto o *Bartonella* sp. de Vespertilionidae (*M. nigricans*) foi agrupado com sequências dessa família do Velho Mundo (Salvo *et al.*, 2024).

A presença de *Bartonella* spp. foi relatado em morcegos amostrados no Reino Unido, Quênia, Taiwan, Peru, Nigéria, Porto Rico, Finlândia, Madagáscar, Costa Rica, Guatemala, Guiana Francesa, Gana, Argélia, e África do Sul. No Brasil, a *Bartonella* genótipo detectado em um morcego da espécie *Glossophaga soricina* amostrado no Estado do Tocantins foi posicionada distante das demais *Bartonella* genótipo detectado no Estado do Paraná. Essas descobertas sugerem a ocorrência de diferentes *Bartonella* genótipos entre morcegos no Brasil (Ikeda *et al.*, 2017).

### 3.6 Diagnóstico

O diagnóstico da bartonelose é um desafio, pois ainda não há uma técnica que detecte a presença de infecção com acurácia. As técnicas mais utilizadas são ELISA, western blot, imunofluorescência indireta, análise molecular como a reação em cadeia de polimerase (PCR), imunohistoquímica, isolamento e cultura microbiológica, porém, todas apresentam limitações (Gonçalves *et al.*, 2024).

A cultura é considerada o padrão ouro para a confirmação da infecção por *Bartonella*, sendo recomendadas técnicas especializadas como meios de crescimento enriquecidos e cultivo celular. Porém, essa técnica requer laboratório especializado, meios de cultura específicos, atmosfera controlada, e o crescimento lento do microrganismo demanda maior tempo para os resultados. O diagnóstico laboratorial da bartonelose é, portanto, baseado principalmente em ensaios sorológicos e PCR realizados em tecidos infectados (Gonçalves *et al.*, 2024).

## 4 MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Animais utilizados

As amostras utilizadas pertenciam ao banco de espécimes da Seção de Hepatologia do Instituto Evandro Chagas (SAHEP/IEC) e correspondem a morcegos da Amazônia brasileira. Os animais foram encaminhados resfriados ou congelados, até serem submetidos à necropsia para coleta de fragmentos de fígado, com as amostras encaminhadas à SAHEP/IEC, onde permaneceram armazenados à -80°C até uso.

Foram avaliadas amostras de fígado de 124 espécimes de quirópteros correspondentes a seis famílias: Emballonuridae, Molossidae, Mormoopidae, Noctilionidae, Phyllostomidae, Vespertilionidae com o total de 32 espécies, sexo (fêmea e macho) (Tabela 1), hábito alimentar (frugívoro, insetívoro, nectarívoro, hematófago e onívoro para os quirópteros que possuem flexibilidade alimentar e adaptação a diversos ambientes) (Tabela 2).

Tabela 1 - Morcegos neotropicais distribuídos em famílias, espécies e sexo

Família dos quirópteros	Espécies de morcegos	Fêmeas	Machos
Emballonuridae	<i>Peropteryx macrotis</i>	1	-
	<i>Saccopteryx leptura</i>	2	-
Molossidae	<i>Molossus ater</i>	1	-
	<i>Molossus molossus</i>	6	2
Mormoopidae	<i>Pteronotus parnelli</i>	2	1
Noctilionidae	<i>Noctilio albiventris</i>	3	3
Phyllostomidae	<i>Artibeus cinereus</i>	1	1
	<i>Artibeus jamaicensis</i>	11	4
	<i>Artibeus lituratus</i>	3	2
	<i>Artibeus obscurus</i>	-	2
	<i>Carollia brevicauda</i>	1	4
	<i>Carollia castanea</i>	-	2
	<i>Carollia perspicillata</i>	11	14
	<i>Choeroniscus minor</i>	1	1
	<i>Desmodus rotundus</i>	-	1
	<i>Glossophaga soricina</i>	1	1
	<i>G. soricina alopecia</i>	1	4
	<i>Lampronycteris brachyotis</i>	-	-
	<i>Lionycteris spurrelli</i>	1	2
	<i>Lomchophylla thomasi</i>	1	1
	<i>Lophostoma silvicolum</i>	1	1
	<i>Mesophylla macconnelli</i>	-	1
	<i>Phyllostomus discolor</i>	3	3
	<i>Phyllostomus elongatus</i>	-	1
	<i>Platyrrhinus helleri</i>	3	2
	<i>Sturnira lilium</i>	2	1
	<i>Trachops cirrhosus</i>	2	-
	<i>Trinycteris nicefori</i>	1	-
	<i>Uroderma bilobatum</i>	2	3
	<i>Vampyressa sp.</i>	2	2
	<i>Vampyrodes caraccioli</i>	1	-
Vespertilionidae	<i>Myotis riparius</i>	1	-
<b>TOTAL</b>		<b>66</b>	<b>58</b>

**Fonte:** Elaborado pela autora (2025).

Tabela 2 – Morcegos neotropicais distribuídos em famílias, espécies e hábito alimentar

Família dos quirópteros	Espécies de morcegos	Hábito Alimentar
Emballonuridae	<i>Peropteryx macrotis</i> <i>Saccopteryx leptura</i>	Insentívoro Insetívoro
Molossidae	<i>Molossus ater</i> <i>Molossus molossus</i>	Insentívoro Insetívoro
Mormoopidae	<i>Pteronotus parnelli</i>	Insentívoro
Noctilionidae	<i>Noctilio albiventris</i>	Insentívoro
Phyllostomidae	<i>Artibeus cinereus</i> <i>Artibeus jamaicensis</i> <i>Artibeus lituratus</i> <i>Artibeus obscurus</i> <i>Carollia brevicauda</i> <i>Carollia castanea</i> <i>Carollia perspicillata</i> <i>Choeroniscus minor</i> <i>Desmodus rotundus</i> <i>Glossophaga soricina</i> <i>G. soricina alopecia</i> <i>Lampronycteris brachyotis</i> <i>Lionycteris spurrelli</i> <i>Lomchophylla thomasi</i> <i>Lophostoma silvicolum</i> <i>Mesophylla macconnelli</i> <i>Phyllostomus discolor</i> <i>Phyllostomus elongatus</i> <i>Platyrrhinus helleri</i> <i>Sturnira lilium</i> <i>Trachops cirrhosus</i> <i>Trinycteris nicefori</i> <i>Uroderma bilobatum</i> <i>Vampyressa sp.</i> <i>Vampyrodes caraccioli</i> <i>Myotis riparius</i>	Frugívero Frugívero e Insentívoro Frugívero e Insentívoro Frugívero Frugívero e Insentívoro Frugívero e Insentívoro Frugívero e Insentívoro Frugívero e Insentívoro Hematógafo Nectatívora Nectatívora Onívoro Onívoro Frugívero e Nectatívoro Frugívero e Nectatívoro Frugívero Onívoro Onívoro Frugívero e Insentívoro Frugívero Onívoro Insetívoro Frugívero e Nectívoro Frugívoros Frugívoros Insetívoro e Frugívero
Vespertilionidae		

**Fonte:** Elaborado pela autora (2025).

As amostras também foram classificadas pela faixa etária (filhote, jovem e adulto). Obteve-se 68 amostras de morcegos adultos, 5 jovens e 51 amostras não possuíam informação sobre a faixa etária no biobanco do IEC/SAHEP das amostras do município de Pauini – Amazonas dos anos de 2004, 2005, 2006).

A identificação das espécies destes mamíferos foi realizada com o auxílio de chaves taxonômicas específicas baseados em caracteres morfométricos e o formato dos dentes conforme classificação de Reis *et al.* (2007) e Reis (2010).

Os tecidos hepáticos foram provenientes da Amazônia brasileira (Pauini - Amazonas) e do município de Belém do Pará (Canaã dos Carajás, Ilha do Combu e Ilha de Marajó), recebidos nos anos de 2004, 2005, 2006, 2015, 2016 e 2023 (ANEXO I).

#### 4.2 Testes Moleculares

#### 4.2.1 Extração do DNA

A extração de DNA total das amostras de fígado foi executada com a utilização do kit DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN) de acordo com as orientações do fabricante no Laboratório de Hepatologia do Instituto Evandro Chagas. Assim, os tecidos foram fragmentados incubados em 180 µl de tampão ATL (tampão de lise de tecido) acrescidos de 20 µl de proteinase K, homogeneizados em vórtex, e incubados overnight no termobloco na temperatura de 56 °C para digestão enzimática.

Posteriormente, 200 µl de tampão AL (tampão de lise) e 200 µl de etanol puro foram acrescidos ao lisado, homogeneizado em vórtex e o volume total do lisado foi acrescido em colunas com membrana de sílica, seguida por centrifugações spin e lavagens com 500 µl do tampão AW1 (1 minuto a 8000 rpm) e 500 µl de tampão AW2 (3 minutos a 14000 rpm), sendo retirado o excesso de álcool em centrifugação a velocidade máxima por 1 minuto. O DNA total de cada amostra foi eluído em 200 µl do Buffer AE (8000 rpm). O DNA extraído foi armazenado no ultrafreezer a -80 °C para posterior análise molecular.

#### 4.2.2 Amplificação da *gltA*

Os ensaios de PCR foram desenvolvidos segundo condições previamente descritas (Birtles; Raoult, 1996) para amplificação parcial do gene *gltA* do gênero *Bartonella* spp. (350 bp).

Ressalta-se que a caracterização molecular parcial do gene *gltA* é viável e recomendada para identificação molecular de isolados de *Bartonella* (Birtles; Raoult, 1996; Gutiérrez *et al.*, 2017).

O mix de reação de PCR, por amostra, continha 5µl de tampão (5x Colorless GoTaq® Buffer), 1µl dNTPs (10Mm), 1 µl MgCl<sub>2</sub> (25 Mm), 1 µl dos primers (20pmol/ul) CSH1f (5'-GCGAATGAAGCGTGCTAAA - 3') (Birtles; Raoult, 1996) e o BhCS.l137n (5' - AATGCAAAAGAACAGTAAACA - 3') (Norman *et al.*, 1995), 0,3 µl de GoTaq® HotStart Polymerase (5U/µl), acrescido de 3µL de DNA total de cada amostra, ajustando-se o volume final a 25 µl com água ultrapura.

O programa de termociclagem de amplificação consiste em 35 ciclos, sendo cada ciclo constituído por ciclo inicial de desnaturação a 95°C durante 5 minutos, seguido por ciclos de desnaturação a 95°C durante 30 segundos, anelamento à 30°C durante 50 segundos e extensão 72°C durante 30 segundos, e extensão final à 72°C por 10 minutos, utilizando o termociclador SimpliAmp Thermal Cycler (ThermoFisher).

#### 4.2.3 Amplificação de *ITS*

O ITS foi amplificado usando os primers 16SF e 23S1, conforme descrito por Roux e Raoult (1995). A amplificação por PCR foi realizada com 7 µl de DNA extraído em uma mistura de reação de 17,5 µl contendo uma concentração de 12,5 pM de cada primer, uma concentração de 5 nM de cada trifosfato de desoxinucleosídeo, 15 nM dUTP (Life Technologies), 0,75 U de EuroblueTaq DNA polimerase (Eurobio), 0,8 µl de uma solução de 25 mM de MgCl<sub>2</sub> (Perkin-Elmer) e 2,5 µl de tampão de reação de 10×.

O programa de termociclagem de amplificação consiste em 35 ciclos, sendo cada ciclo constituído por ciclo inicial de desnaturação a 95°C durante 5 minutos, seguido por ciclos de desnaturação a 95°C durante 30 segundos, anelamento à 30°C durante 50 segundos e extensão 72°C durante 30 segundos, e extensão final à 72°C por 10 minutos, utilizando o termociclador SimpliAmp Thermal Cycler (ThermoFisher).

#### 4.3.4 Análise dos produtos amplificados

A detecção dos produtos de amplificação foi desenvolvida por eletroforese em gel de agarose 1% corados com SYBR® safe DNA gel stain (ThermoFisher Scientific). Dez microlitros de cada reação acrescidos de 2 µl de Bluejuice gel loading buffer (ThermoFisher Scientific) foram aplicados no gel de agarose, submetidos à eletroforese e, posteriormente, visualizados sob luz ultra-violeta em transiluminador UV. Amostras com produtos de amplificação com tamanho aproximado a 250 pb foram consideradas como positivas. O tamanho dos fragmentos amplificados foi estimado comparando-se com os marcadores de peso molecular com escala de 50 pb (50 bp DNA ladder, ThermoFisher Scientific).

Como controle positivo foi utilizado em cada reação uma amostra previamente identificada como positiva para o agente etiológico, e como controle negativo foi utilizado água bidestilada estéril.

#### 4.3.5 Sequenciamento nucleotídico e análise filogenética

Os amplicons das amostras positivas foram purificados enzimaticamente (ExoSAP-It, GE Healthcare) e sequenciados nos sentidos senso e consenso em sequenciador automático AB3500 Genetic analyzer (ThermoFisher Scientific) com o uso dos kits BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (ThermoFisher Scientific) e BigDye XTerminator® Purification Kit (ThermoFisher Scientific), utilizados segundo as orientações dos fabricantes (Água de 1 µl,

BigDye Termination Reaction Mix 2 µl, BigDye Sequencing Buffer 1µl, Primer 1,6 pmol/ul e DNA 3µl).

As sequências senso e antisenso foram alinhadas no software Geneious v8.1.3. para obtenção de sequências consenso, posteriormente submetidas à BLASTn ([www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi)) para confirmação de positividade. As sequências consenso das amostras positivas foram depositadas na plataforma Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>) e alinhadas com um banco de dados contendo 167 sequências nucleotídicas representativas do gênero *Bartonella* disponíveis no banco de dados do Genbank para análise filogenética pelo método de Maximum-Likelihood (GTR+G+I) no software MEGA v7.0 (bootstrap, 1000 replicatas) e identificação taxonômica dos isolados. A distância nucleotídica foi calculada utilizando-se o software Geneious v8.1.3.

#### 4.4 Análise estatística

Os resultados de prevalência serão apresentados no formato de estatística descritiva, descritos em valores absolutos e relativos.

#### 4.5 Considerações bioéticas

A presente pesquisa foi apreciada e aprovada pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA) e está de acordo com os preceitos da Lei 11.794 de 8 de outubro de 2008, com o Decreto 6.899 de 15 de julho de 2009, bem como com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle da Experimentação Animal (CONCEA), foi aprovado com o número de protocolo: nº 9457280324 (ANEXO 02).

As pesquisas realizadas em unidade de conservação de uma área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu foi aprovado com o número de autorização nº 006/2023 pelo Instituto de Desenvolvimento Florestal e da Biodiversidade do Estado do Pará (IDEFLOR-Bio), (ANEXO 03).

Além disso, está pesquisa contou com a autorização para atividades com finalidade de captura e coleta de espécies de morcegos da Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu. Belém, Estado do Pará científica do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio) e foi aprovado com o número de protocolo nº: 84021-1 (ANEXO 04).

## 5 RESULTADO

O estudo verificou que entre as 124 amostras de tecido hepático de morcegos, obteve-se positividade para o gênero *Bartonella* spp. em 7 (sete) amostras (5,64%), provenientes de morcegos das espécies *Uroderma bilobatum*, *Mesophylla macconnelli*, *Carollia brevicauda* e *Glossophaga soricina alopecia* localizados na Ilha do Combu (Belém - Pará) e três amostras positivas para as espécies *Artibeus jamaicensis*, *Sturnira lilium* e *Molossus molossus* provenientes de Pauini - Amazonas.

As amostras positivas foram caracterizadas por família, espécie, sexo, faixa etária, local e data onde foi realizada a captura e coleta desses espécimes (Tabela 3). Através da região *gltA* verificou-se prevalência de 0,80 (1/124) com uma amostra positiva e para região do *ITS* com 6 amostras positivas 4,33% (6/124) para *Bartonella* sp.

Tabela 3 - Morcegos neotropicais positivos para *Bartonella* sp.

Família quirópteros	Espécie	Sexo	Faixa etária	Localidade
Phyllostomidae	<i>Artibeus jamaicensis</i>	Fêmea	Não informado	Estrada do Maguti (Pauini - AM)
Phyllostomidae	<i>Sturnira lilium</i>	Macho	Não informado	Entorno Aeroporto (Pauini - AM)
Molossidae	<i>Molossus molossus</i>	Fêmea	Não informado	Bairro Fortaleza (Pauini - AM)
Phyllostomidae	<i>Uroderma bilobatum</i>	Fêmea	Adulta	Ilha do Combu (Belém - PA)
Phyllostomidae	<i>Mesophylla macconnelli</i>	Macho	Adulto	Ilha do Combu (Belém - PA)
Phyllostomidae	<i>Carollia brevicauda</i>	Fêmea	Adulta	Ilha do Combu (Belém - PA)
Phyllostomidae	<i>Glossophaga soricina</i> <i>alopecia</i>	Fêmea	Adulta	Ilha do Combu (Belém - PA)

**Fonte:** Elaborado pela autora (2025).

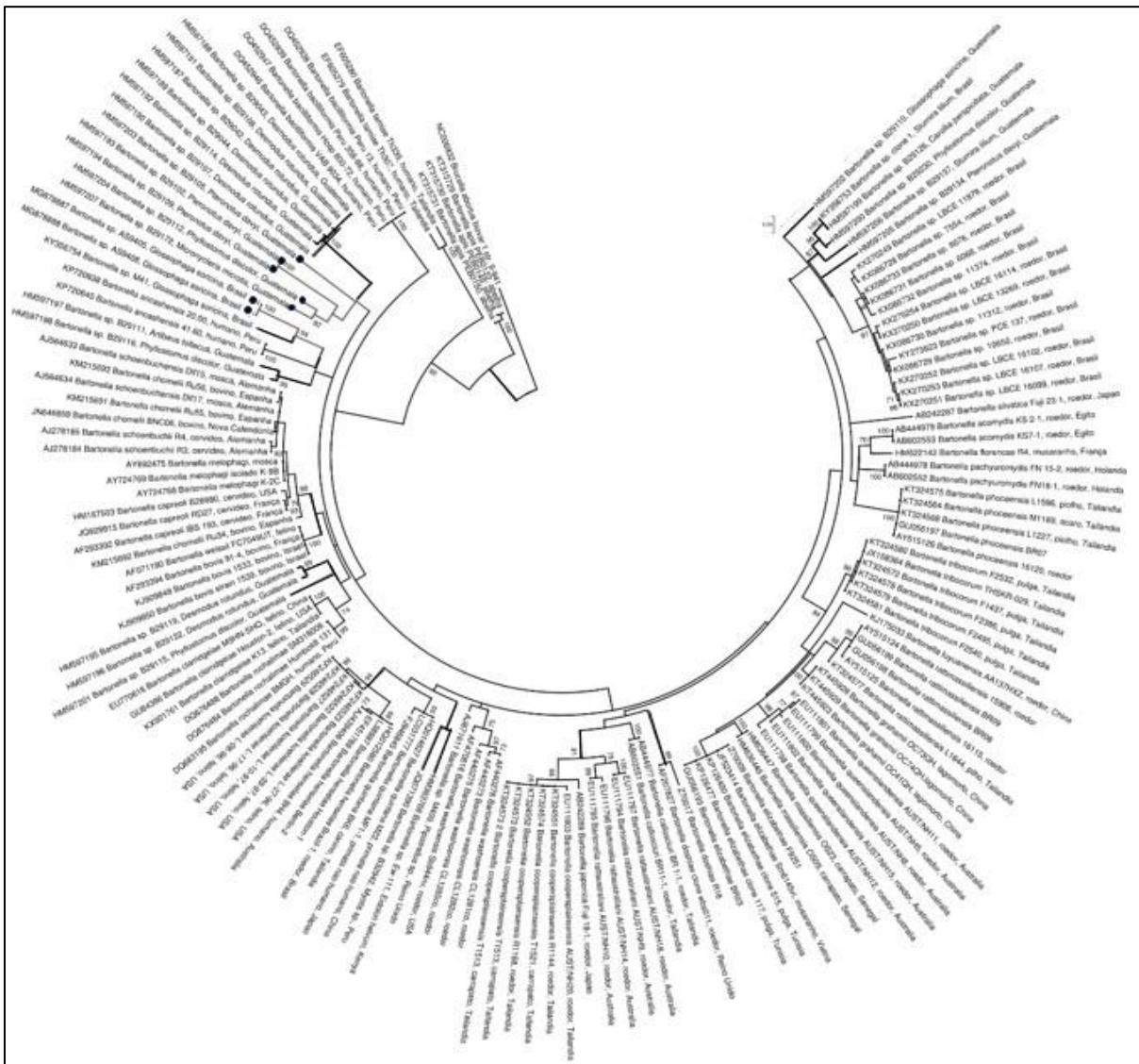
A árvore filogenética inferida pela análise baseada em sequências do gene *Bartonella ITS* formou dois clusters distintos. A sequência de *Bartonella* (número de acesso HM597193 e HM 597193 do GenBank) detectada em duas espécimes de *Pteronotus davyi*, está intimamente relacionada aos genótipos de *Bartonella* previamente detectados em morcegos da Guatemala (América Central), com 100% de suporte de ramos. Além disso, tais sequências foram posicionadas em um clado maior relacionado às sequências de *Bartonella* detectadas em quirópteros, ruminantes e felinos em amostras da América do Norte, Sul e Europa (Figura 2).

Na sequência a análise BLASTn (número de acesso HM 5972204) detectada em uma espécie *Phyllostomus discolor*, é verossímil aos genótipos de *Bartonella* previamente detectados em morcegos da Guatemala, com 92% de suporte de ramos (Figura 2).

Sequência do gene *Bartonella* (número de acesso HM 597207) detectada em uma espécie *Micronycteris microtis*, apresenta similaridade aos genótipos de *Bartonella* previamente detectados em morcegos da Guatemala, com 92% de suporte de ramos (Figura 2).

A sequência de *Bartonella* (número de acesso MG878887 e MG78888 do GenBank) detectada em duas espécimes de *Glossophaga soricina* com homologia para os genótipos de *Bartonella* previamente detectados em morcegos do Brasil com 100% de suporte de ramos (Figura 2).

Figura 2 – Árvore filogenética do gênero *Bartonella* inferida pelo método de Máxima verossimilhança, baseada em sequências nucleotídicas parciais (350 pb) do gene ITS. As sequências estão identificadas pelo código de acesso Genbank, identificação das espécies/isolados, hospedeiros e procedência geográficas. Uma sequência de *Brucella abortus* (NC006932) foi utilizada como grupo externo. Valores de bootstrap > 70 estão expressos nos nós



## 6 DISCUSSÃO

Os quirópteros são mamíferos voadores conhecidos por albergar agentes etiológicos de características zoonóticas, proporcionando o transporte de microrganismos por longas distâncias geográficas (Hassell *et al.*, 2017), dentre eles a *Bartonella* sp. como os sete morcegos positivos no presente trabalho, que apresentavam como distribuição geográfica as áreas da Ilha do Combu no Pará e município de Pauini no Amazonas. Dando ênfase nestes resultados tem-se descrito em trabalhos como o de Irving *et al.* (2021) e Poofery *et al.* (2022) que morcegos são reservatórios de bactérias que são responsáveis por aproximadamente 70% das doenças zoonóticas, dentre estas a bartonelose.

Além disso, acredita-se que os morcegos sejam os hospedeiros ancestrais de todos os mamíferos associados a *Bartonella* sp., e podem ter auxiliado na expansão geográfica inicial do gênero (McKee *et al.*, 2021).

Com base em pesquisas epidemiológicas moleculares e observações clínicas, os pesquisadores implicaram muitos artrópodes hematófagos nos ciclos de transmissão de *Bartonella* spp. - mosquitos que picam, percevejos triatomíneos, ácaros e moscas - adicionando à lista daqueles já identificados como vetores competentes (pulgas, piolhos, flebotomíneos, carapatos) (Lee *et al.*, 2024).

Arantes *et al.* (2025), determinaram a ocorrência e a identidade molecular de *Bartonella* spp. em 345 espécimes de *Culicoides Latreille* da Amazônia brasileira. Os espécimes foram coletados no Parque Nacional da Amazônia, Estado do Pará, Brasil, onde 86,7% (299/345) foram positivos usando uma PCR quantitativa em tempo real direcionada à região do espaçador transcrito interno (*ITS*).

França *et al.* (2025) realizaram pesquisa com amostras de baço e fígado que foram coletadas de 102 morcegos de áreas urbanas no Estado de São Paulo, Brasil e que foram avaliadas por PCR em tempo real. As amostras positivas foram submetidas à PCR convencional e posterior sequenciamento para identificação das espécies. No total, 3,9% dos morcegos foram positivos para *Bartonella* spp. na PCR em tempo real e 2,9% foram sequenciados. Dos morcegos positivos, dois eram *Artibeus lituratus* e dois eram *Myotis nigricans*. Esses dados são próximos aos verificados no presente estudo, onde 5,64% das amostras foram positivas, provenientes de morcegos das espécies *Uroderma bilobatum*, *Mesophylla macconnelli*, *Carollia brevicauda*, *Glossophaga soricina alopecia*, *Artibeus jamaicensis*, *Sturnira lilium* e *Molossus molossus*.

Nesse estudo, obteve-se amostra positiva para a espécie *Artibeus jamaicensis*, no entanto, no Brasil sua prevalência variável para *Bartonella* spp. e tem maior taxa registrada em Porto Rico (~18%), (Judson; Frank; Hadly, 2015).

Os dados destas pesquisas reforçam ainda mais a necessidade de investigações adicionais sobre o papel potencial dos vetores na transmissão de *Bartonella* spp. para pacientes humanos e animais doentes. Pesquisas futuras com foco específico em quirópteros são de particular importância para a descrição epidemiológica da *Bartonella* sp. no Brasil, porque a espécie é o principal vetor para *Bartonella* sp. e está amplamente distribuída no Brasil e em toda a América Central e do Sul (Lee *et al.*, 2024).

Recentemente, Alcantara *et al.* (2020) encontraram evidências moleculares de DNA de *Bartonella* sp. em gambás capturados de áreas periurbanas de Mata Atlântica do Rio de Janeiro, com uma taxa de infecção de 40-46%, um dado que ainda necessita da caracterização da espécie de *Bartonella* sp. encontrada. Diante do exposto, fica claro que é essencial continuar o monitoramento de possíveis infecções por *Bartonella* nesse grupo, a fim de determinar se esses mamíferos são resistentes à *Bartonella* ou se são, de fato, vulneráveis à infecção por essa bactéria.

Os morcegos têm o hábito de viver em colônias, apresentando movimentação entre abrigos e algumas espécies já são registradas em ambientes peri-domiciliares e domiciliares, justificando sua aproximação com gatos, e o homem que são hospedeiros conhecidos para a bartonelose (Poofery *et al.*, 2022). Na Ilha de Combu, foram encontrados quatro morcegos positivos, esta área se caracteriza por ser a quarta maior ilha de Belém, com ecossistema de várzea, ilhotas biológicas com uma população em torno de 1.500 habitantes (Ideflor-Bio, 2025). Além disso, três amostras positivas para *Bartonella* sp. oriundas de Pauini no Amazonas próximos aos ambientes do centro urbano. Esta realidade pode propiciar a manutenção do ciclo da infecção por *Bartonella* sp.

Dentre esse contexto e diante da proximidade com a capital e a presença de recursos naturais, a ilha do Combu tornou-se atrativa para visitas e, consequentemente, atraiu interesses econômicos que apoiam a indústria turística (presença de serviços de alimentos e bebidas, acomodação, transporte, etc.). Em decorrência disso, o turismo vem se intensificando na ilha de forma não planejada, originando um aumento no número de visitas, o que fragiliza a região, os recursos naturais e a população inserida (Neiva; Nóbrega, 2024), podendo facilitar a propagação desta Bartonellaceae.

Puga (2015) demonstrou que fêmeas em fase reprodutiva apresentam maior suscetibilidade à infestação por moscas ectoparasitas e indivíduos reprodutivos de *Artibeus planirostris*

formam haréns, com um macho e múltiplas fêmeas habitando um abrigo. Nesse aspecto, Durante a gravidez e lactação, as fêmeas apresentam fidelidade ao local de abrigo (Alberdi *et al.*, 2015), assim como o macho do harém, enquanto machos solteiros e fêmeas não reprodutivas podem alternar entre diferentes locais e abrigarem-se em grupos menores ou solitariamente. Portanto, podemos inferir que a infestação por moscas ectoparasitas seja mais frequente entre as fêmeas grávidas e lactantes.

Marshall (1982) propõe ainda que fêmeas seriam hospedeiros preferidos pelos ectoparasitas por serem mais longevas que os machos, e que inicialmente os ectoparasitas infestam igualmente hospedeiros de ambos os sexos e posteriormente divergem e predominam no sexo feminino, esse estudo corrobora com a presente pesquisa uma vez que 85,71% (6/7) das amostras positivas foram procedentes de fêmeas.

Segundo os estudos e análises estatística de Arantes *et al.* (2025) há correlação entre o comportamento sinantrópico e a prevalência de *Bartonella* spp., sugerindo que há aumento do risco de transbordamento de morcegos para humanos em ambientes de várzea. A presença de *Bartonella* spp. em morcegos sugere que em cavernas há uma prevalência de colonização por quirópteros da família Phyllostomidae e pode haver um risco aumentado de exposição a esse patógeno e ao vetor que o transmite aos turistas e aos moradores dessa região.

A amplificação parcial do gene citrato sintase (*gltA*) e do espaçador transcrito interno (*ITS*) são abordagens moleculares distintas, cada uma com aplicações específicas na identificação e diferenciação de microrganismos, especialmente bactérias como as do gênero *Bartonella* sp. (Diddi *et al.*, 2013).

As regiões gênicas pesquisadas no presente trabalho possuem diferenças significativas em suas características moleculares e aplicações, para análises filogenéticas e diferenciação precisa entre espécies próximas, a *gltA* está descrito por apresentar uma alta especificidade, já para detecção sensível de organismos em amostras com pouca bacteremia ou com baixa concentração de DNA, a região descrita pelo *ITS*, é a de escolha por apresentar maior sensibilidade como propostas em trabalhos de Parola *et al.* (2001). Na pesquisa, Buhler *et al.* (2022), verificou-se que a combinação de ambas as regiões gênicas pode proporcionar uma abordagem mais robusta e confiável para a identificação e classificação deste microrganismo.

O gene *gltA* tem como função codificar a enzima citrato sintase, essencial no ciclo do ácido cítrico, ciclo de Krebs, fundamental para o metabolismo energético celular. É um gene que codifica a região altamente conservada entre diferentes espécies bacterianas, o que permite comparações evolutivas, é utilizado em análises filogenéticas, especialmente para diferenciar espécies próximas, como no gênero *Bartonella* sp. (Norman *et al.*, 1995; Birtles; Raoult, 1996).

Estudos mostram que a similaridade entre espécies diferentes varia de 83,8% a 93,5%, enquanto entre cepas da mesma espécie é superior a 99,8%, ou seja, alta especificidade e boa capacidade discriminatória entre espécies próximas (Birtles; Raoult, 1996).

A região *ITS*, embora as referências encontradas não abordem especificamente, o *ITS*, em detalhes comparáveis ao *gltA*, estudos destacam que a sensibilidade na detecção de *Bartonella* por PCR baseada em *ITS* é superior à baseada em *gltA*, pois *ITS* possui múltiplas cópias e variabilidade maior, melhorando o desempenho em amostras com baixa carga bacteriana (Vornhagen *et al.*, 2019).

Após as amostras serem submetidas ao sequenciamento e análise filogenética, compreende-se que há homologia acima de 90% na sequência de DNA para *Bartonella* sp., essa similaridade foi descrita e depositada anteriormente no GenBank. No presente estudo, verificou-se na árvore filogenética, quirópteros na Guatemala com positividade para cinco amostras e duas amostras com verossimilhança para espécies de morcegos identificadas no Brasil.

A Guatemala está localizada na América Central e faz fronteira com o México ao norte. O país possui diversos biomas, incluindo florestas tropicais úmidas assim como o Brasil, em especial a Amazônia com a maior floresta tropical do mundo com rica biodiversidade e clima quente e úmido. Patógenos transmitidos por vetores que são transmitidos por artrópodes e que se alimentam de sangue para animais e pessoas, são comuns em regiões tropicais onde, combinados com fatores econômicos, podem causar encargos significativos para a saúde pública. *Bartonella* spp., *Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp. são bactérias gram-negativas que foram relatadas em regiões da Guatemala. As infecções por *Bartonella* spp. são prevalentes em bovinos, morcegos e gatos (Scorza *et al.*, 2025).

Acredita-se que os hábitos alimentares dos flebotomíneos e a alta prevalência de infecção por *Bartonella* em muitos hospedeiros de mamíferos reservatórios indicam um potencial relação e envolvimento dos flebotomíneos nos ciclos epidemiológicos e propagação dessas bactérias (Lee *et al.*, 2024).

Ressalta-se que o presente estudo gerou dados sobre a prevalência de patógenos transmitidos por vetores na região Amazônica em especial em quirópteros, seguidos por campanhas de conscientização e outras intervenções de saúde pública para diminuir o risco de exposição de humanos e animais a patógenos com capacidade de infecções endêmicas como é o caso da bartonelose.

## 7 CONCLUSÃO

Pelos resultados obtidos no presente estudo, conclui-se que a técnica de biologia molecular, é imprescindível para a detecção do gênero *Bartonella* sp. e deve-se priorizar o estudo de no mínimo duas regiões genética para maior acurácia dos resultados.

Verificou-se nesta pesquisa que a inferência filogenética de maior positividade para o gênero *Bartonella* foi a ITS. A baixa identidade das sequências com outras descritas anteriormente no GenBank de *gltA* permite sugerir que os genótipos encontrados de *Bartonella* em morcegos, roedores, ruminantes e demais espécies de mamíferos podem ser superiores quando analisada apenas uma região gênica.

Os resultados das literaturas citadas nesta pesquisa revelaram uma notável diversidade de *Bartonella* spp. entre morcegos nas Américas. Essas descobertas expandem o conhecimento sobre a variabilidade genética da infecção por *Bartonella* nesses mamíferos e fornecem novos estudos sobre a ecologia das espécies de *Bartonella* transmitidas por morcegos.

Ademais, pode-se inferir que fêmeas são mais suscetíveis a infecções pelo seu estado imunológico (prenhez), o hábito alimentar da relação vetor-hospedeiro influencia na propagação de patógenos quando o bioma natural facilita a disseminação na coinfecção.

Diante disso, algumas espécies de morcegos servem de hospedeiros para uma variedade de espécie de *Bartonella*, e algumas espécies da família Phyllostomidae têm uma relação próxima com humanos e animais domésticos. Portanto, é necessário monitorar a relação vetor-hospedeiro e principalmente devido à *Bartonella* ter implicações significativas para a saúde única.

## Referências

- ALBERDI, A.; AIHARTZA, J.; AIZPURUA, O.; SALSAMENDI, E.; BRIGHAM, R. M.; GARIN, I. Living above the treeline: roosting ecology of the alpine bat *Plecotus macrobullaris*. **European Journal of Wildlife Research**, v. 61, p. 17-25, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10344-014-0862-8>. Acesso em: 08 jul 2025.
- ALBUQUERQUE, S.R.M.; JR, L.F.M.; MENEZES, A.C.D.P.; CARDOSO, T.A. O Biossegurança no trabalho de campo e no manejo de quirópteros hematófagos: reconhecimento dos riscos entre graduandos e graduados em ciências biológicas. **Ciência Atual**. Rio de Janeiro, v. 19, n. 1, 2023. Disponível em: <https://revista.saojose.br/index.php/cafj/article/view/605>. Acesso em: 28 jul 2024.
- ALCANTARA, A.; THOMA, H.; CAMPOS, S.; TEIXEIRA, R.; LIMA, H.; PIRES, J.; MORAES, R.; SOUZA, A. Molecular evidence of *Bartonella* spp. in free-living opossums (Didelphimorphia: Didelphidae) from peri-urban Atlantic Forest fragments of Brazil. **Authorea Preprints**, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.22541/au.160029787.76756825>. Acesso em: 08 jul 2025.
- ARANTES, P.V.C.; PINTO, I.S.; LEE, D.A.B.; Anna Claudia Baumel MONGRUEL, A.C.B.; GALATI, E.A.B.; MACHADO, R.Z.; ANDRÉ, M.R. Molecular evidence of *Bartonella* spp. in sand flies (Diptera: Psychodidae) from the Brazilian Amazon. **Acta Tropica**, v. 267, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2025.107682>. Acesso em: 06 jul 2025.
- ARNONE, I.S.; TRAJANO, E.; LEITE, P.A.; PASSOS, F.C. Long-distance movement by a great fruit-eating bat, *Artibeus lituratus* (Olfers, 1818), in southeastern Brazil (Chiroptera, Phyllostomidae): evidence for migration in Neotropical bats? **Biota Neotrop**, v. 16, n. 1, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1676-0611-BN-2015-0026>. Acesso em: 28 jul 2024.
- BERNARD, E.; TAVARES, V.C.; SAMPAIO, E. Updated compilation of bat species (Chiroptera) for the Brazilian Amazonia. **Biota Neotrop**, v. 11, n. 1, 2011. Disponível em: <http://www.biotaneotropica.org.br/v11n1/en/abstract?article+bn00611012011>. Acesso em: 10 ago 2024.
- BIRTLES, R.J.; RAOULT, D. Comparison of partial citrate synthase gene (*gltA*) sequences for phylogenetic analysis of *Bartonella* species. **Int. J. of Syst. and Evol. Microb.**, v. 46, n. 4, p. 891-897, 1996. Disponível em: <https://doi.org/10.1099/00207713-46-4-891>. Acesso em 12 fev 2024.
- BRAGA, M.S.C.O.; GONÇALVES, L.R.; SILVA, T.M.V.; COSTA, F.B.; PEREIRA, J.G.; SANTOS, L.S. *et al.* Occurrence of *Bartonella* genotypes in bats and associated Streblidae flies from Maranhão state, northeastern Brazil. **Braz J Vet Parasitol**, v. 29, n. 4, e014420, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1984-296120200088>. Acesso em: 12 fev 2024.
- BRENNER, D.J.; O'CONNOR, S.P.; WINKLER, H.H.; STEIGERWALT, A.G. Proposals to unify the genera *Bartonella* and *Rochalimaea*, with descriptions of *Bartonella quintana* comb. nov., *Bartonella vinsonii* comb. nov., *Bartonella henselae* comb. nov., and *Bartonella elizabethae* comb. nov., and to remove the Family Bartonellaceae from the order Rickettsiales. **Int. J. Syst. Bacteriol.**, v. 43, p. 777-786, 1993. Disponível em: <https://doi.org/10.1099/00207713-43-4-777>. Acesso em: 28 jul 2024.

BURGIN, C. J.; COLELLA, J. P.; KAHN, P. L.; UPHAM, N. S. How many species of mammals are there? **Journal of Mammalogy**, v. 99, n. 1, p. 1-14, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jmammal/gyx147>. Acesso em: 28 jul 2024.

BUHLER, K.J.; FERNANDO, C.; HILL, J.E.; GALLOWAY, T.; CARRIERE, S.; FENTON, H.; FAUTEUX, D.; JENKINS, E.J. Combining deep sequencing and conventional molecular approaches reveals broad diversity and distribution of fleas and Bartonella in rodents and shrews from Arctic and Subarctic ecosystems. **Parasites & Vectors**, v. 15, n. 366, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05446-w>. Acesso em: 06 jul 2025.

CASTELO-BRANCO, D.S.C.M.; NOBRE, J.A.; SOUZA, P.R.H.; DIÓGENES, E.M.; MENDES, G.M.M.; MESQUITA, F.P.; SOUZA, P.F.N.; ROCHA, M.F.G.; SIDRIM, J.J.C.; CORDEIRO, R.A.; MONTENEGRO, R.C. Role of Brazilian bats in the epidemiological cycle of potentially zoonotic pathogens. **Microbial Pathogenesis**, v. 177, 106032, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2023.106032>. Acesso em: 28 jul 2024.

DIDDI, K.; CHAUDHRY, R.; SHARMA, N.; DHAWAN, B. Strategy for identification & characterization of *Bartonella henselae* with conventional & molecular methods. **Indian J Med Res**, v. 137, p. 380-387, 2013. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC3657863/>. Acesso em: 09 jul 2025.

FAVACHO, A.R.M.; ANDRADE, M.N.; OLIVEIRA, R.C.; BONVICINO, C.R.; D'ANDREA, P.S.; LEMOS, E.R.S. Zoonotic Bartonella species in wild rodents in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. **Microbes and Infection**, v. 17, 889e892, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.micinf.2015.08.014>. Acesso em: 28 jul 2024.

FRANÇA, D.A.; COSTA, A.V.B.; BIONDO, M.L.; DURÉ, A.I.L.; MENOZZI, B.D.; FORNAZARI, F.; LANGONI, H. *Bartonella* spp., *Coxiella burnetii* and *Rickettsia rickettsii* in urban bats: molecular investigation of neglected zoonoses in Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 56, p. 1371–1380, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42770-025-01660-7>. Acesso em 07 jul 2025.

FRANCO, E.O. **Detecção e caracterização molecular de *Bartonella* spp. em morcegos e moscas Strebidae associadas na Amazônia Brasileira**. Dissertação (Mestrado em Ciências Veterinárias) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2024. Disponível em: <https://hdl.handle.net/11449/255711>. Acesso em: 28 jul 2024.

ESBÉRARD, C.E.L.; GODOY, M.S.M.; RENOVATO, L.; CARVALHO, W.D. Novel long-distance movements by Neotropical bats (Mammalia: Chiroptera: Phyllostomidae) evidenced by recaptures in southeastern Brazil. **Studies on Neotropical Fauna and Environment**, v. 52, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/01650521.2016.1273751>. Acesso em: 28 jul 2024.

FROMM, K.; DEHIO, C. The Impact of *Bartonella* VirB/VirD4 Type IV Secretion System Effectors on Eukaryotic Host Cells. **Front. Microbiol.**, v. 14, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.762582>. Acesso em: 10 ago 2024.

GARBINO, G.S.T.; GREGORIN, R.; LIMA, I.P.; LOUREIRO, L.; MORAS, L.M.; MORATELLI, R.; NASCIMENTO, C.; NOGUEIRA, M.R.; NOVAES, R.L.; Pavan, A.C.; Tavares, V.C.; PERACCHI, A.L. Updated checklist of bats (Mammalia: Chiroptera) from

Brazil. **Zoologia**, v. 41, e23073. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1984-4689.v41.e23073>. Acesso em: 06 jul 2025.

GONÇALVES, H.P.; NETO, A.C.P.S.; JORGE, S.; HARTWIG, D.D.; JUNIOR, A.A.P.; ASSIS, M.R.S.; DE LEMOS, E.R.S.; CLEFF, M.B. Recombinant chimeric proteins of *Bartonella henselae* as a feline bartonellose immunodiagnostic. **ARACÊ**, [S. l.], v. 6, n. 4, p. 11419-11434, 2024. Disponível em: <https://periodicos.newsciencepubl.com/arace/article/view/1900>. Acesso em: 10 feb. 2025.

GUTIÉRREZ, R.; VAYSSIER-TAUSSAT, M.; BUFFET, J.P.; HARRUS, S. Guidelines for the Isolation, Molecular Detection, and Characterization of *Bartonella* Species. **Vect.-Bor. and Zoon. Dis.**, v. 17, n. 1, p. 42-50, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1956>. Acesso em 12 fev 2024.

HAN, H-J.; WEN, H-L.; ZHAO, LIU, J-W.; LUO, L-M.; ZHOU, C-M.; QIN, X-R.; ZHU, Y-L.; ZHENG, X-X.; YU, X-J. Novel *Bartonella* Species in Insectivorous Bats, Northern China. **PLoS ONE**, v. 12, n. 1, e0167915, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0167915>. Acesso em: 5 ago 2024.

HASSELL, J.M.; BEGON, M.; WARD, M.J.; FÈVRE, E.M. Urbanizationand disease emergence: Dynamics at the wildlife-livestock-human inter-face. **Trends in Ecology & Evolution**. January, v. 32, n. 1, 2017. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1016/j.tree.2016.09.012>. Acesso em: 04 jul 2025.

IDEFLOR-BIO. **Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu**. Disponível em: <https://ideflorbio.pa.gov.br/area-de-protecao-ambiental-da-ilha-do-combu-apa-da-ilha-do-combu/>. Acesso em: 04 jul 2025.

IKEDA, P.; SEKI, M.C.; CARRASCO, A.O.T.; RUDIAK, L.V.; MIRANDA, J.M.D.; GONÇALVES, S.M.M.; HOPPE, E.G.L.; ALBUQUERQUE, A.C.A.; TEIXEIRA, M.M.G.; PASSOS, C.E.; WERTHER, K.; MACHADO, R.Z.; WERTHER, K. Evidence and molecular characterization of *Bartonella* spp. and hemoplasmas in neotropical bats in Brazil. **Epid. Infect.**, v. 145, n. 10, p. 2038-2052, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0950268817000966>. Acesso em: 12 fev 2024.

IRVING, A.T.; AHN, A.; GOH, G.; ANDERSON, D.E.; WANG, L.F. Lessons from the host defences of bats, a unique viral reservoir. **Nature**, v. 589, n. 21, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-03128-0>. Acesso em: 04 jul 2025.

JIN, X.; GOU, Y.; XIN, Y.; LI, J.; SUN, J.; LI, T.; FENG, J. Advancements in understanding the molecular and imune mechanisms of *Bartonella* pathogenicity. **Frontiers in Microbiology**, v. 14, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1196700>. Acesso em: 28 jul 2024.

JUAN, Y.; QINGDUO, L.; LIANG, L.; SHOUJIANG, L.; XIUPING, S.; DONGMEI, L.; HUAXIANG, R. Detection and genetic diversity of *Bartonella* species in small mammals from the central region of the Qinghai-Tibetan Plateau, China. **Scientific Reports**, v. 12, n. 6996, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-11419-x>. Acesso em: 27 jul 2024.

JUDSON, S. D.; FRANK, H. K.; HADLY, E. A. Bartonellae are Prevalent and Diverse in Costa Rican Bats and Bat Flies. **Zoonoses Public Health.** 2015 Dec;62(8):609-17. Disponível em: DOI: 10.1111/zph.12188. Epub 2015 Mar 23. PMID: 25810119. Acesso em: 19 jul 2025.

LEE, D.A.B.; SHIMABUKURO, P.H.F.; BRILHANTE, A.F.; ARANTES P.V.C.; SANCHES, G.S.; FRANCO, E.O.; MACHADO, R.Z.; MAGGI, R.G.; BREITSCHWERDT, E.B.; ANDRÉ, M.R. *Bartonella* spp. in Phlebotominae Sand Flies, Brazil. **Emerging Infectious Diseases.** v. 30, n. 10, 2024. Disponível em: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/30/10/24-0397\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/30/10/24-0397_article). Acesso em: 07 jul 2025.

LOUTIT, J.S. *Bartonella* infections. **Cur Clin Top Infec Dis.**, v. 17, p. 269-90, 1997. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abd/a/6hZmFbpctYqGvwRy7rGWvBw/>. Acesso em: 30 jul 2024.

MARINI, M.A.; GARCIA, F.I. Conservação de aves no Brasil. **Megadiversidade**, v. 1, n. 1, 2005. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/268975009\\_Conservacao\\_de\\_aves\\_no\\_Brasil](https://www.researchgate.net/publication/268975009_Conservacao_de_aves_no_Brasil). Acesso em: 10 ago 2024.

MARSHALL, A.G. Ecology of insects ectoparasitic on bats. p. 369-401 In: Kunz, T.H. (ed) **Ecology of bats**. Springer, Boston, 1982 Disponível em: [https://doi.org/10.1007/978-1-4613-3421-7\\_10](https://doi.org/10.1007/978-1-4613-3421-7_10). Acesso em: 08 jul 2025.

MARTINS, A.C.M.; ROCHA, G.L.F.; OLIVEIRA, H.F.M. Efeito de diferentes distúrbios antrópicos sobre assembleias de morcegos (Mammalia: Chiroptera) em um ecótono Cerrado-Amazônia. **Biodiversidade Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 107-119, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v14i1.2393>. Acesso em: 28 jul 2024.

MCKEE, C.D.; BAI, Y.; WEBB, C.T.; KOSOY, M.Y. Bats are key hosts in the radiation of mammal-associated *Bartonella* bacteria. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 89, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021>. Acesso em: 06 jul 2025.

MEDLIN, R.E.; CONNIOR, M.B.; GAINES, K.F.; RISCH, T.S. Responses of bats to forest fragmentation in the Mississippi River Alluvial Valley, Arkansas, USA. **Diversity**, v. 2, p. 1146-1157, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/d2101146>. Acesso em: 28 jul 2024.

NEIVA, R.M.S.; NÓBREGA, W.R.M. Turismo e Desenvolvimento: Opiniões e pontos de vista dos diferentes atores na área de proteção ambiental Ilha do Combu - Belém do Pará, Brasil. **Tur. Visão e Ação**. Balneário Camboriú, SC, v. 27, e20068, 2025. Disponível em: <https://dxdoi.org/10.14210/tva.v27.20068>. Acesso em: 04 jul 2025.

NORMAN, A.F.; REGNERY, R.; JAMENSON, P.; GREENE, C.; KRAUSE, D.C. Differentiation of *Bartonella*-like isolates at the species level by PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism in the citrate synthase gene. **J. Clin. Microbiol.**, v. 33, p. 797-1803, 1995. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/jcm.33.7.1797-1803.1995>. Acesso em: 12 fev 2024.

OKARO, U.; ADDISU, A.; CASANAS, B.; AND ANDERSON, B. Bartonella species, an emerging cause of blood-culture-negative endocarditis. **Clin. Microbiol. Rev.**, v. 30, p. 709-746, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1128/cmr.00013-17>. Acesso em: 28 jul 2024.

OLIVEIRA, J.G.; ROZENTAL, T.; GUTERRES, A.; TEIXEIRA, B.R.; SILVA, B.E.A.; NETO, S.F.C.; FURTADO, R.M.; D'ANDREA, P.S.; LEMOS, E.R.S. Investigation of *Bartonella* spp. in brazilian mammals with emphasis on rodents and bats from the Atlantic Forest. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 13, p. 80-89, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2020.07.004>. Acesso em: 28 jul 2024.

MORAES-ORNELLAS, V. S.; ORNELLAS, R.B. Etnoconservação de morcegos em unidades de conservação de uso sustentável da Amazônia Brasileira. **Biodiversidade Brasileira**, v. 13, n. 2, p. 1-14, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.37002/biodiversidadebrasileira.v13i2.2402>. Acesso em: 28 jul 2024.

NORMAN, A.F.; REGNERY, R.; JAMESON, P.; GREENE, C.; KRAUSE, D.C. Differentiation of *Bartonella*-like isolates at the species level by PCR-restriction fragment length polymorphism in the citrate synthase gene. **J Clin Microbiol**, v. 33, p. 1797–1803, 1995. Disponível em: DOI: 10.1128/jcm.33.7.1797-1803.1995. Acesso em: 09 jul 2025.

PACHECO, T.A.; AMARAL, R.B.; IKEDA, P.; MAIA, M.O.; LEE, D.A.B.; SEMEDO, T.B. F.; MENDONÇA, R.F.B.; PEDRONI, F.; HORTA, M.C.; ROSSI, R.V.; ANDRÉ, R.M.; PACHECO, R.C. Molecular detection and characterization of *Bartonella* spp. in small mammals in the Amazonia and Cerrado biomes, midwestern Brazil. **Acta Tropica**, v. 251, p. 107-129, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2024.107129>. Acesso em: 28 jul 2024.

PAROLA, P.; INOKUMA, H.; CAMICAS, J.L.; BROUQUI, P.; RAOULT, D. Detection and identification of spotted fever group Rickettsiae and Ehrlichiae in African ticks. **Emerg Infect Dis**, v. 7, n. 6, p.1014-7, 2001. Disponível em: DOI: 10.3201/eid0706.010616. Acesso em: 09 jul 2025.

PENG, T.L.; KAMAR, A.H.; MOHAMED, M.; GILBERT, B.; SANI, N. I. M.; SALMA, C.W.; ZALATI, C.W.; HAMDAN, R.H.; SAMOH, A.; LOONG, S.K. Molecular prevalence of *Bartonella* spp. in bat flies in east coast Malaysia. **Heliyon**, v. 10, n. 9, e29785, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e29785>. Acesso em 28 jul 2024.

PONTES, A.R.L.; BEZERRA, A.M.F.; COSTA, J.O.; VIEIRA, I.S.A.; NUNES, R.M.V. **Saúde coletiva: tendências para vigilância em saúde**. Livro digital, Belém: Home, 2024. Disponível em: <https://www.homeeditora.com/ebook-2024/52231542-aa87-4507-b4f9-1b942c507ff4>. Acesso em: 28 jul 2024.

POOFERY, J.; NARAPAKDEESAKUL, D.; RIANA, E.; ARNUPHAPPRASSERT, A.; NUGRAHENI, Y.R.; NGAMPRASSERTWONG, T.; WANGTHONGCHAICHAROEN, M.; SOISOOK, P.; BHODHIBUNDIT, P.; KAEWTHAMASORN, M. Molecular identification and genetic diversity of *Bartonella* spp. in 24 bat species from Thailand. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 69, e717–e733, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/tbed.14389>. Acesso em: 12 fev 2024.

PUGA, C.C.I. **A influência da testosterona nas glândulas reprodutivas acessórias de *Artibeus planirostris* (Chiroptera: Phyllostomidae)**. Tese de doutorado, Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, 2015. Disponível em: <http://hdl.handle.net/11449/127762>. Acesso em: 08 jul 2025.

REBEKAH, L.; BULLARD, E.L.; OLSEN, M.A.; CHESLOCK, M.E.E. Evaluation of the available animal models for Bartonella infections. **One Health**, v. 18, 100665, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2023.100665>. Acesso em: 12 fev 2024.

REIS N.R.; PERACCHI, A.L.; PEDRO, W.A.; LIMA, I.P. **Morcegos do Brasil**. Londrina, 2007. Disponível em: [https://pos.uel.br/biologicas/wp-content/uploads/2021/06/Morcegos\\_do\\_Brasil.pdf](https://pos.uel.br/biologicas/wp-content/uploads/2021/06/Morcegos_do_Brasil.pdf). Acesso em: 12 fev 2024.

REIS, N.R.; PERACCHI, A.L.; FREGONEZI, M.N.; ROSSANEIS, B.K. **Mamíferos do Brasil**, Technical Books, 2010, p. 293-462. Disponível em: <https://pos.uel.br/biologicas/wp-content/uploads/2021/06/Livro-completo-Mamiferos-do-Brasil.pdf>. Acesso em 12 fev 2024.

RODRIGUES, M.T. Conservação dos répteis brasileiros: os desafios para um país megadiverso. **Megadiversidade**, v. 1, n. 1, 2005. Disponível em: <https://silo.tips/download/conservacao-dos-repteis-brasileiros-os-desafios-para-um-pais-megadiverso>. Acesso em: 10 ago 2024.

ROUX, V.; RAOULT, D. The 16S-23S rRNA intergenic spacer region of *Bartonella* (Rochalimaea) species is longer than usually described in other bacteria. **Gene**, v. 14, p. 156, n. 1, 107-11, 1995. Disponível em: DOI: 10.1016/0378-1119(94)00919-j. Acesso em: 15 jul 2025.

SALVO, M.N.; PALMERIO, A.; ROSA, I.; RODRIGUEZ, A.; BELTRÁN, F.; DOHMEN, F.E.G.; CICUTTIN, G.L. *Bartonella* spp. in different species of bats from Misiones (Argentina) Circulación de *Bartonella* spp. en diferentes especies de murciélagos en la provincia de Misiones (Argentina), **Revista Argentina de Microbiología**, v. 56, p. 227-231, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ram.2024.04.001>. Acesso em: 10 ago 2024.

SANTOS, T.C.M.; LOPES, G.P.L.; RABELO, R.M.R.; GIANNINI, T.C.G. Bats in three protected areas of the Central Amazon Ecological Corridor in Brazil. **Acta Chiropterologica**, v. 21, n. 2, p. 425-442, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3161/15081109ACC2019.21.2.017>. Acesso em: 28 jul 2024.

SCORZA, V.; MCMINN, R.J.; CHACON, A.; LAMB, M.M.; MEDRANO, R.E.; HARRIS, E.K.; ALVAREZ, D.; LOPEZ, M.R.; ARIAS, K.; ANAYA, J.; OLSON, D.; EBEL, G.D.; LAPPIN, M.D. Detection of selected vector-borne pathogens in domestic animals, ectoparasites, and their owners in a rural community in Southwest Guatemala. **Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports**, v. 57, 101185, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2024.101185>. Acesso em: 15 jul 2025.

SIAMER, S.; DEHIO, C. New insights into the role of *Bartonella* effector proteins in pathogenesis. **Current Opinion in Microbiology**. v. 23, p. 80-85, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.mib.2014.11.007>. Acesso em: 10 ago 2024.

SILVA, D.; OLIVEIRA, H.F.M.; ZANGRANDI, P.L.; DOMINGOS, F.M. C.B. Flying Over Amazonian Waters: The Role of Rivers on the Distribution and Endemism Patterns of Neotropical Bats. **Frontiers in Ecology and Evolution**, v. 10, 774083, 2022. Disponível: <https://doi.org/10.3389/fevo.2022.774083>. Acesso em: 28 jul 2024.

STEPANIĆ, M.; DUVNJAK, S.; REIL, I.; HAĐINA, S.; KEMPF, V.A.J.; ŠPIČIĆ, S.; MIHALJEVIĆ, Z.; BECK, R. Epidemiology of *Bartonella henselae* infection in pet and stray

cats in Croatia with risk factors analysis. **Parasites & Vectors**, v. 17, n. 48, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06117-8>. Acesso em: 25 jul. 2024.

VANINI, A.; FURTADO, M.C.; MORATELLI, R. **Biodiversidade e saúde na Estação Biológica Fiocruz Mata Atlântica: pesquisa, conservação e educação**. Ponta Grossa - PR: Atena, 2023. Disponível em: <https://atenaeditora.com.br/catalogo/ebook/biodiversidade-e-saude-na-estacao-biologica-fiocruz-mata-atlantica-pesquisa-conservacao-e-educacao#>. Acesso em: 10 ago 2024.

VORNHAGEN, J.; SUN, Y.; BREEN, P.; FORSYTH, V.; ZHAO, L.; MOBLEY, H.L.T. The *Klebsiella pneumoniae* citrate synthase gene, *gltA*, influences site specific fitness during infection. **PLoS**, v. 15, n. 8, e1008010.2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1008010>. Acesso em: 06 jul 2025.

## ANEXO I

**Anexo 1** - Procedência geográfica de morcegos neotropicais da Amazônia brasileira e em Belém do Pará utilizados para pesquisa molecular de *Bartonella* spp., segundo o número de espécies por cidades.

Cidade/Estado	Localidade	Número de morcegos
Belém – Pará	Canaã dos Carajás	40
Belém – Pará	Centro Nacional de Primatas	1
Belém – Pará	Ilha do Combu	33
Belém – Pará	Marajó	12
Pauini – Amazonas	Bairro Fortaleza	1
Pauini – Amazonas	Estrada do Maguti	9
Pauini – Amazonas	Fazenda Anajás Boca do Acre	3
Pauini – Amazonas	Fazenda do Sr Albano	4
Pauini – Amazonas	Cachoeira	9
Pauini – Amazonas	Pauini	7
Pauini – Amazonas	Prox. Pista Aeroporto	5
<b>TOTAL</b>		<b>124</b>

## ANEXO II



***Comissão de Ética no  
Uso de Animais CEUA/UFRA***



### CERTIFICADO

Certificamos que a proposta intitulada "LEVANTAMENTO SANITÁRIO EM MORCEGOS (CHIROPTERA: MAMMALIA) DO ESTADO DO PARÁ", protocolada sob o CEUA nº 9457280324 (ID 000790), sob a responsabilidade de **Washington Luiz Assunção Pereira** e equipe; **Marcella Katheryne Marques Bernal** - que envolve a produção, manutenção e/ou utilização de animais pertencentes ao filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto o homem), para fins de pesquisa científica ou ensino - está de acordo com os preceitos da Lei 11.794 de 8 de outubro de 2008, com o Decreto 6.899 de 15 de julho de 2009, bem como com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle da Experimentação Animal (CONCEA), e foi **aprovada** pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Federal Rural da Amazônia (CEUA/UFRA) na reunião de 16/12/2024.

We certify that the proposal "HEALTH SURVEY OF BATS (CHIROPTERA: MAMMALIA) IN THE STATE OF PARÁ", utilizing 250 Brazilian wild species (males and females), protocol number CEUA 9457280324 (ID 000790), under the responsibility of **Washington Luiz Assunção Pereira and team; Marcella Katheryne Marques Bernal** - which involves the production, maintenance and/or use of animals belonging to the phylum Chordata, subphylum Vertebrata (except human beings), for scientific research purposes or teaching - is in accordance with Law 11.794 of October 8, 2008, Decree 6899 of July 15, 2009, as well as with the rules issued by the National Council for Control of Animal Experimentation (CONCEA), and was **approved** by the Ethic Committee on Animal Use of the Federal Rural University of Amazonia (CEUA/UFRA) in the meeting of 12/16/2024.

Finalidade da Proposta: Pesquisa (Acadêmica)

Vigência da Proposta: de 06/2024 a 12/2027

Área: Patologia Animal

Origem:	Animais da natureza/selvagens	sex:	Machos e Fêmeas	idade:	1 a 5 anos	N:	250
Espécie:	Espécies silvestres brasileiras					Peso:	20 a 50 g
Linhagem:	Morcegos						

Registro IBAMA/Sisbio/Etc: SISBIO 40309-1.

**Método de Captura:** A captura dos animais será realizada segundo o protocolo de Peracchi e Nogueira (2014), o que se utilizará uma rede de nylon com dimensões do tamanho de malha de 36 mm a 50 mm, com 6 a 12 m de comprimento e 2,5 a 3 de altura, que serão montadas em 3 painéis distribuídos em uma trilha de 500 metros, sendo colocadas no período crepuscular e suas vistorias ocorrerão no período da noite a cada 15 minutos. Quando da captura, na retira e contenção dos morcegos se usará lanternas e luva raspa-de-couro, para conferir proteção contra mordedura. Os morcegos capturados serão contidos fisicamente na área torácico-abdominal e colocados em sacos de pano individuais para reduzir o estresse e evitar agressões entre eles, estes sacos não serão reutilizados durante o mesmo dia de coleta, e serão lavados e desinfetados para uso em outros dias. A identificação dos morcegos será feita através de biometria, que será realizada com auxílio de paquímetro, e serão mensurados os dados morfométricos relativos à medida do antebraço, comprimento do corpo-cabeça, pé, tibia, calcâneo, orelha e cauda. A identificação dos animais capturados será baseada nas chaves taxonômicas de Burton e Engstrom (2001) e Reis et al. (2013). Poder-se-á investigar morcegos que forem capturados para fins de avaliação epidemiológica de raiva e encaminhados pela Agência de Defesa Agropecuária do Estado do Pará - ADEPARÁ, ao Instituto Evandro Chagas, que é o centro de referência para a pesquisa de vírus rábico no Estado do Pará.

**Local do experimento:** As pesquisas serão conduzidas na Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), onde os materiais de estudos serão processados e analisados pelos Laboratórios de Patologia Animal, Microbiologia e Parasitologia. A integração interinstitucional permitirá que alguns estudos sejam desenvolvidos pelos laboratórios do Instituto Evandro Chagas e Laboratório de investigação de Doenças de Animais (LIDEA/UFPA).

Belém, 23 de dezembro de 2024



**Comissão de Ética no  
Uso de Animais CEUA/UFRA**



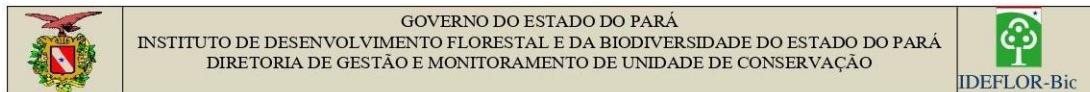
*Ágatha Rossanni Alves Damasceno*  
PORTARIA N° 643/2023 - REITORIA  
CEUA/UFRA

Profa. Dra. Ágatha Rossanni Alves Damasceno  
Coordenadora da Comissão de Ética no Uso de Animais  
Universidade Federal Rural da Amazônia

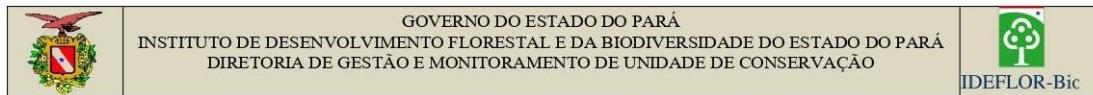
*Alanna Lima*  
PORTARIA N° 643/2023 - REITORIA  
CEUA/UFRA

Profa. Dra. Alanna do Socorro Lima da Silva  
Vice-Cordenadora da Comissão de Ética no Uso de Animais  
Universidade Federal Rural da Amazônia

### ANEXO III



<b>AUTORIZAÇÃO DE PESQUISA EM UNIDADE DE CONSERVAÇÃO</b>															
<b>Processo PAE n°</b>			2023/382277		<b>Inicio</b>			Maio de 2023							
<b>Autorização n°</b>			006/2023		<b>Validade</b>			Agosto de 2023							
<b>Área de concentração</b>															
<input checked="" type="checkbox"/>	Fauna	<input checked="" type="checkbox"/>	Flora	<input checked="" type="checkbox"/>	Ecologia	<input checked="" type="checkbox"/>	Geologia	<input checked="" type="checkbox"/>	Socioeconomia	<input checked="" type="checkbox"/>	Arqueologia	<input checked="" type="checkbox"/>	Turismo	<input checked="" type="checkbox"/>	Recursos Hídricos
<input checked="" type="checkbox"/>	Ed. Ambiental	<input checked="" type="checkbox"/>	Cavidades Naturais	<input checked="" type="checkbox"/>	Outros: Zoologia										
<b>Tipo</b>											<b>Município</b>				
<input checked="" type="checkbox"/>	Pesquisa em unidade de conservação				<input checked="" type="checkbox"/>	Procedência	Belém – Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu								
<input checked="" type="checkbox"/>	Coleta de material faunístico				<input checked="" type="checkbox"/>	Destino	Coleção Zoológica Dr. Joachim Adis (CZJA) da UEPA - Belém								
<input checked="" type="checkbox"/>	Coleta de material botânico				<input checked="" type="checkbox"/>	Unidade de Conservação	Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu								
<input checked="" type="checkbox"/>	Coleta de material mineral				<input checked="" type="checkbox"/>	Área de Conservação									
<input checked="" type="checkbox"/>	Transporte de produto e/ou subproduto da fauna				<input checked="" type="checkbox"/>	Área de Conservação									
<input checked="" type="checkbox"/>	Transporte de produto e/ou subproduto botânico				<input checked="" type="checkbox"/>	Área de Conservação									
<input checked="" type="checkbox"/>	Depósito de material biológico				<input checked="" type="checkbox"/>	Área de Conservação									
<input checked="" type="checkbox"/>	Outros:				<input checked="" type="checkbox"/>	Área de Conservação									
<b>Cronograma de coleta de informações: Maio/2023 a Agosto/2023</b>															
<b>Título do Projeto</b>															
- ESTUDO DA QUIROPTEROFAUNA DA ÁREA DE PROTEÇÃO AMBIENTAL DA ILHA DO COMBU, BELÉM, ESTADO DO PARÁ.															
<b>Instituição vinculada</b>			Universidade do Estado do Pará				<b>CNPJ</b>		34.860.833/0001-44						
<b>Instituição depositária</b>			Coleção Zoológica Dr. Joachim Adis (CZJA) da UEPA				<b>CNPJ</b>		34.860.833/0001-44						
<b>Pesquisador Responsável</b>			Ana Lúcia Nunes Gutjahr				<b>CPF</b>		133.272.672-00						
<b>Equipe de Trabalho</b>															
<b>Nome</b>										<b>CPF</b>					
ANA LÚCIA NUNES GUTJAH										133.272.672-00					
NEUDER WESLEY FRANÇA DA SILVA										429.659.932-15					
EDSON JOSÉ LIMA DOS REIS										392.610.502-04					
CARLOS ELIAS DE SOUZA BRAGA										625.839.482-53					
<b>Indicação dos grupos taxonômicos a serem coletados</b>															
<b>Quantidade</b>			<b>Nome vulgar</b>				<b>Nome científico</b>								
02 casais por espécie			Morcegos				Ordem Chiroptera (Famílias: Molossidae, Emballonuridae, Vespertilionidae, Mormoopidae, Thyropteridae, Noctilionidae, Natalidae e Furipteridae)								
<b>Condicionantes:</b>															
As atividades devem ser realizadas em consonância com a legislação ambiental vigente e com a metodologia informada na documentação encaminhada a este Instituto, com devido cuidado e habilidade do pesquisador.															
É obrigatório submeter à apreciação deste IDEFLOR-Bio qualquer modificação dos integrantes da equipe de campo indicados no projeto, bem como dos procedimentos e/ou metodologia de trabalho.															



A colocação e retirada de experimentos, equipamentos eletrônicos, armadilhas ou qualquer outro material na área da Unidade é de responsabilidade do Pesquisador. O IDEFLOR-Bio não se responsabiliza pelo dano, extravio ou furto de qualquer material nas áreas das unidades de conservação.

Caso necessário, os técnicos deste IDEFLOR-Bio poderão acompanhar a equipe de pesquisadores durante as coletas.

Realizar o manuseio adequado dos animais, de modo a evitar possíveis maus tratos ou manobras que causem danos aos animais que serão soltos.

A coleta em áreas particulares está condicionada à autorização prévia dos moradores.

A solicitação de renovação de pesquisa deverá ser protocolada junto ao IDEFLOR-Bio com a antecedência mínima de 45 dias, sendo juntadas cópias de todos os documentos administrativos atualizados e projeto de pesquisa, sendo mencionadas as possíveis alterações.

Deverá ser encaminhado ao IDEFLOR-Bio relatório de execução do projeto, em um prazo de até 30 dias ao término da vigência da Autorização, assim como cópia de artigos, capítulos de livros ou qualquer outro material de pesquisa gerado a partir dos dados coletados na Unidade de Conservação, para a composição do Banco de Dados da UC.

Local e data de emissão	Autoridade expedidora
Belém – PA, 19 de Abril de 2023.	<p>Documento assinado digitalmente   ELLIVELTON DE CARVALHO DA CUNHA  Data: 26/04/2023 11:19:14-0300  Verifique em <a href="https://validar.itd.gov.br">https://validar.itd.gov.br</a></p> <p>Ellivelton Carvalho da Cunha– Gerente do Parque Estadual do Utinga</p>

## ANEXO IV



**Ministério do Meio Ambiente - MMA**  
**Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio**  
**Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO**

### **Autorização para atividades com finalidade científica**

Número: 84021-1	Data da Emissão: 28/03/2023 13:20:01	Data da Revalidação*: 28/03/2024
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

#### **Dados do titular**

Nome: NEUDER WESLEY FRANCA DA SILVA	CPF: 429.659.932-15
Título do Projeto: Captura e coleta de espécies de morcegos da Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu. Belém, Estado do Pará	
Nome da Instituição: UNIVERSIDADE DO ESTADO DO PARÁ UEP	CNPJ: 34.860.833/0001-44

#### **Cronograma de atividades**

#	Descrição da atividade	Ínicio (mês/ano)	Fim (mês/ano)
1	Captura e coleta de morcegos	05/2023	07/2023

#### **Equipe**

#	Nome	Função	CPF	Nacionalidade
1	Carlos Elias de Souza Braga	Colaboradora	625.839.482-53	Brasileira
2	EDSON JOSÉ LIMA DOS REIS	Colaborador	392.610.502-04	Brasileira

#### **Observações e ressalvas**

1	Deve-se observar as as recomendações de prevenção contra a COVID-19 das autoridades sanitárias locais e das Unidades de Conservação a serem acessadas.
2	Esta autorização NÃO libera o uso da substância com potencial agrotóxico e/ou inseticida e NÃO exime o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de atender às exigências e obter as autorizações previstas em outros instrumentos legais relativos ao registro de agrotóxicos (Lei nº 7.802, de 11 de julho de 1989, Decreto nº 4.074, de 4 de janeiro de 2002, entre outros).
3	Esta autorização NÃO libera o uso da substância com potencial agrotóxico e/ou inseticida e NÃO exime o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de atender às exigências e obter as autorizações previstas em outros instrumentos legais relativos ao registro de agrotóxicos (Lei nº 7.802, de 11 de julho de 1989, Decreto nº 4.074, de 4 de janeiro de 2002, entre outros)
4	O titular de autorização ou de licença permanente, assim como os membros de sua equipe, quando da violação da legislação vigente, ou quando da inadequação, omissão ou falsa descrição de informações relevantes que subsidiaram a expedição do ato, poderá, mediante decisão motivada, ter a autorização ou licença suspensa ou revogada pelo ICMBio, nos termos da legislação brasileira em vigor.
5	As atividades de campo exercidas por pessoa natural ou jurídica estrangeira, em todo o território nacional, que impliquem o deslocamento de recursos humanos e materiais, tendo por objeto coletar dados, materiais, espécimes biológicos e minerais, peças integrantes da cultura nativa e cultura popular, presente e passada, obtidos por meio de recursos e técnicas que se destinem ao estudo, à difusão ou à pesquisa, estão sujeitas a autorização do Ministério de Ciência e Tecnologia.
6	Este documento somente poderá ser utilizado para os fins previstos na Portaria ICMBio nº 748/2022, no que especifica esta Autorização, não podendo ser utilizado para fins comerciais, industriais ou esportivos. O material biológico coletado deverá ser utilizado para atividades científicas ou didáticas no âmbito do ensino superior.
7	Este documento não dispensa o cumprimento da legislação que dispõe sobre acesso a componente do patrimônio genético existente no território nacional, na plataforma continental e na zona econômica exclusiva, ou ao conhecimento tradicional associado ao patrimônio genético, para fins de pesquisa científica, bioprospecção e desenvolvimento tecnológico. Veja maiores informações em <a href="http://www.mma.gov.br/ogen">www.mma.gov.br/ogen</a> .
8	O titular de licença ou autorização e os membros de sua equipe deverão optar por métodos de coleta e instrumentos de captura direcionados, sempre que possível, ao grupo taxonômico de interesse, evitando a morte ou dano significativo a outros grupos; e empregar esforço de coleta ou captura que não comprometa a viabilidade de populações do grupo taxonômico de interesse em condição <i>in situ</i> .
9	Esta autorização NÃO exime o pesquisador titular e os membros de sua equipe da necessidade de obter as anuências previstas em outros instrumentos legais, bem como do consentimento do responsável pela área, pública ou privada, onde será realizada a atividade, inclusive do órgão gestor de terra indígena (FUNAI), da unidade de conservação estadual, distrital ou municipal, ou do proprietário, arrendatário, posseiro ou morador de área dentro dos limites de unidade de conservação federal cujo processo de regularização fundiária encontra-se em curso.

*Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº Portaria ICMBio nº 748/2022. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet ([www.icmbio.gov.br/sisbio](http://www.icmbio.gov.br/sisbio)).*

**Código de autenticação: 0840210120230328**

**Página 1/4**



**Ministério do Meio Ambiente - MMA**  
**Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio**  
**Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO**

### Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 84021-1	Data da Emissão: 28/03/2023 13:20:01	Data da Revalidação*: 28/03/2024
<b>De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.</b>		

#### Dados do titular

Nome: NEUDER WESLEY FRANCA DA SILVA	CPF: 429.659.932-15
Título do Projeto: Captura e coleta de espécies de morcegos da Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu. Belém, Estado do Pará	
Nome da Instituição: UNIVERSIDADE DO ESTADO DO PARÁ UEP	CNPJ: 34.860.833/0001-44

#### Observações e ressalvas

10	Em caso de pesquisa em UNIDADE DE CONSERVAÇÃO, o pesquisador titular desta autorização deverá contactar a administração da unidade a fim de CONFIRMAR AS DATAS das expedições, as condições para realização das coletas e de uso da infraestrutura da unidade.
----	--

#### Outras ressalvas

1	CENAP Atibaia-SP
---	------------------

#### Locais onde as atividades de campo serão executadas

#	Descrição do local	Município-UF	Bioma	Caverna?	Tipo
1	Ilha	Belém-PA	Amazônia	Não	Dentro de UC Estadual

#### Atividades

#	Atividade	Grupo de Atividade
1	Captura de animais silvestres in situ	Fora de UC Federal
2	Marcação de animais silvestres in situ	Fora de UC Federal
3	Coleta/transporte de espécimes da fauna silvestre in situ	Fora de UC Federal

#### Atividades X Táxons

#	Atividade	Táxon	Qtde.
1	Captura de animais silvestres in situ	Chiroptera	-
2	Marcação de animais silvestres in situ	Chiroptera	-
3	Coleta/transporte de espécimes da fauna silvestre in situ	Chiroptera	4

A quantidade prevista só é obrigatória para atividades do tipo "Coleta/transporte de espécimes da fauna silvestre in situ". Essa quantidade abrange uma porção territorial mínima, que pode ser uma Unidade de Conservação Federal ou um Município.

A quantidade significa: por espécie X localidade X ano.

#### Materiais e Métodos

#	Tipo de Método (Grupo taxonômico)	Materiais
1	Método de captura/coleta (Outros mamíferos)	Puçá, Rede de neblina
2	Método de marcação (Outros mamíferos)	Outros métodos de marcação(pintura de processos ungulares (unhas ) com tinta esmáltica atóxica)

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº Portaria ICMBio nº 748/2022. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet ([www.icmbio.gov.br/sisbio](http://www.icmbio.gov.br/sisbio)).

Código de autenticação: 0840210120230328

Página 2/4



Ministério do Meio Ambiente - MMA  
 Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio  
 Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO

### Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 84021-1	Data da Emissão: 28/03/2023 13:20:01	Data da Revalidação*: 28/03/2024
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

#### Dados do titular

Nome: NEUDER WESLEY FRANCA DA SILVA	CPF: 429.659.932-15
Título do Projeto: Captura e coleta de espécies de morcegos da Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu. Belém, Estado do Pará	
Nome da Instituição: UNIVERSIDADE DO ESTADO DO PARÁ UEP	CNPJ: 34.860.833/0001-44

#### Destino do material biológico coletado

#	Nome local destino	Tipo destino
1	UNIVERSIDADE DO ESTADO DO PARÁ UEP	Coleção

Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº Portaria ICMBio nº 748/2022. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet ([www.icmbio.gov.br/sisbio](http://www.icmbio.gov.br/sisbio)).

Código de autenticação: 0840210120230328

Página 3/4



**Ministério do Meio Ambiente - MMA**  
**Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade - ICMBio**  
**Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade - SISBIO**

## Autorização para atividades com finalidade científica

Número: 84021-1	Data da Emissão: 28/03/2023 13:20:01	Data da Revalidação*: 28/03/2024
De acordo com o art. 28 da IN 03/2014, esta autorização tem prazo de validade equivalente ao previsto no cronograma de atividades do projeto, mas deverá ser revalidada anualmente mediante a apresentação do relatório de atividades a ser enviado por meio do Sisbio no prazo de até 30 dias a contar da data do aniversário de sua emissão.		

## Dados do titular

Nome: NEUDER WESLEY FRANCA DA SILVA CPF: 429.659.932-15  
Título do Projeto: Captura e coleta de espécies de morcegos da Área de Proteção Ambiental da Ilha do Combu, Belém, Estado do Pará  
Nome da Instituição: UNIVERSIDADE DO ESTADO DO PARÁ UEP CNPJ: 34.860.833/0001-44

## **Registro de coleta imprevista de material biológico**

De acordo com a Instrução Normativa nº 03/2014, a coleta imprevista de material biológico ou de substrato não contemplado na autorização ou na licença permanente deverá ser anotada na mesma, em campo específico, por ocasião da coleta, devendo esta coleta imprevista ser comunicada por meio do relatório de atividades. O transporte do material biológico ou do substrato deverá ser acompanhado da autorização ou da licença permanente com a devida anotação. O material biológico coletado de forma imprevista, deverá ser destinado à instituição científica e, depositado, preferencialmente, em coleção biológica científica registrada no Cadastro Nacional de Coleções Biológicas (CCBIO).

\* Identificar o espécime do nível taxonômico possível.

*Este documento foi expedido com base na Instrução Normativa nº Portaria ICMBio nº 748/2022. Através do código de autenticação abaixo, qualquer cidadão poderá verificar a autenticidade ou regularidade deste documento, por meio da página do Sisbio/ICMBio na Internet ([www.icmbio.gov.br/sisbio](http://www.icmbio.gov.br/sisbio)).*

Código de autenticação: 0840210120230328

Página 4/4