

SUB-ÁREA: Leptospirose em animais silvestres

Leptospirose em pequenos mamíferos silvestres na Amazônia Ocidental, Brasil

Narianne Ferreira de Albuquerque^a, Susan Christina Braga Domingos^a, Maria Isabel Nogueira Di Azevedo^b, Rui Carlos Peruquetti^a, Paulo Sérgio D'Andrea^c, André Luis Moura Botelho^d, Charle Ferreira Crisóstomo^d, Anahi Souto Vieira^b, Gabriel Martins^b, Bernardo Rodrigues Teixeira^c, Filipe Anibal Carvalho-Costa^e, Walter Lilenbaum^b, Luciana dos Santos Medeiros^a

^aLaboratório de Microbiologia e Imunologia Veterinária, Universidade Federal do Acre, Rio Branco, Acre, Brasil.

^bLaboratório de Bacteriologia Veterinária, Universidade Federal Fluminense, Niterói, Brasil.

^cLaboratório de Biologia e Parasitologia de Mamíferos Reservatórios Silvestres, IOC, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil.

^dInstituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Acre, Rio Branco, Acre, Brasil.

^eLaboratório de Epidemiologia e Sistemática Molecular, IOC, Fiocruz, Rio de Janeiro, Brasil.

A leptospirose é uma zoonose causada por bactérias do gênero *Leptospira*, transmitida pela água, solo ou lama contaminada pela urina de animais infectados. Os principais reservatórios da doença estão no ambiente urbano, embora as leptospirosas também circulem em ambientes rurais e silvestres. Os pequenos mamíferos silvestres são importantes reservatórios de diversas doenças, incluindo a leptospirose. Este estudo teve como objetivo investigar o papel de pequenos mamíferos na epidemiologia da leptospirose em áreas de florestas com diferentes níveis de antropização na Amazônia Ocidental, Brasil. Foram selecionados 11 fragmentos florestais, contemplando áreas urbanas, rurais e unidades de conservação. No total, 192 animais, entre pequenos roedores e marsupiais foram capturados. Sangue, rins e amostras de urina foram coletados e destinados ao diagnóstico laboratorial para o Teste de Aglutinação Microscópica (MAT), a PCR do gene *lipL32*, o sequenciamento do gene *secY* e a cultura bacteriana. Como resultados preliminares, o MAT foi reativo em 1/15 de soros, nenhum isolado bacteriano foi obtido e a PCR teve 38,6% de amostras positivas. Vinte amostras foram geneticamente sequenciadas e identificadas como *L. interrogans* (n =12), *L. noguchii* (n =4) e *L. santarosai* (n =4). Não foi encontrada associação estatística entre a prevalência de infecção por *Leptospira* spp. em pequenos mamíferos dentro de espécies portadoras / hospedeiras, ordens, área de estudo e estratos florestais em quatro áreas de florestas, pressupõe que não houve relação com a influência antrópica. Até o momento, os resultados indicam uma alta prevalência de *Leptospira* spp. patogênicas em várias espécies de roedores e marsupiais e relatam a primeira evidência de *Leptospira* spp. em portadores/ hospedeiros na Amazônia Ocidental Brasileira.

Palavras-chave: leptospirosas; marsupiais; roedores silvestres; epidemiologia

Agências de Fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Acre – FAPAC

Programa de Pesquisa para o Sistema Único de Saúde – PPSUS

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq