RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo deste trabalho será disponibilizado somente a partir de 24/02/2028.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO VÍRUS DA RAIVA ISOLADOS DE MORCEGOS INSETÍVOROS ENCAMINHADOS PARA O DIAGNÓSTICO DE RAIVA NO PERÍODO DE 2024 E 2025

VITÓRIA MAXIMIANA SOARES DOS SANTOS

Botucatu
2025

VITÓRIA MAXIMIANA SOARES DOS SANTOS

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO VÍRUS DA RAIVA ISOLADOS DE MORCEGOS INSETÍVOROS ENCAMINHADOS PARA O DIAGNÓSTICO DE RAIVA NO PERÍODO DE 2024 E 2025

Trabalho de Conclusão da Residência em Medicina Veterinária apresentado à Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade "Júlio de Mesquita Filho", Campus de Botucatu, SP, para obtenção do título de Residente em Medicina Veterinária.

Área de Zoonoses e Saúde Pública

Preceptor: *Prof. Dr. Helio Langoni*

Botucatu
2025

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSANGELA APARECIDA LOBO-CRB 8/7500

Santos, Vitória Maximiana Soares dos.
Estudo da diversidade genética do vírus da raiva isolados de morcegos insetívoros encaminhados para o diagnóstico de raiva no período de 2024 e 2025 / Vitória Maximiana Soares dos Santos. - Botucatu, 2025.
20 p.

Trabalho acadêmico (Residência em Medicina Veterinária) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia
Preceptor: Helio Langoni

1. Raiva. 2. Quirópteros. 3. Variação genética. 4. Filogenia. I. Título.

Vitória Maximiana Soares dos Santos

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO VÍRUS DA RAIVA ISOLADOS DE MORCEGOS INSETÍVOROS ENCAMINHADOS PARA O DIAGNÓSTICO DE RAIVA NO PERÍODO DE 2024 E 2025

Trabalho de Conclusão de Residência apresentado à Universidade Estadual (UNESP), Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Botucatu, como parte das exigências para a obtenção do título de Residente em Medicina Veterinária.

Data da defesa: 24/02/2026

BANCA EXAMINADORA

_____
Prof. Dr. Helio Langoni
FMVZ-UNESP/Botucatu

_____
Prof. Drª Simone Baldini Lucheis
FMVZ-UNESP/Botucatu

_____
Prof. Dr. Cassiano Victória
FMVZ-UNESP/Botucatu

_____
Prof. Dr. Helio Langoni
FMVZ-UNESP/Botucatu

SANTOS, VITÓRIA MAXIMIANA SOARES DOS. Estudo da diversidade genética do vírus da raiva isolados de morcegos insetívoros encaminhados para o diagnóstico de raiva no período de 2024 e 2025. Botucatu, 2025. 22 p. Trabalho de Conclusão de Residência em Medicina Veterinária (área de Zoonoses e Saúde Pública) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho“.

RESUMO

A Raiva é uma zoonose viral aguda e progressiva que acomete mamíferos, causada pelo gênero *Lyssavirus* spp.. Apresenta letalidade próxima à 100%, sendo responsável por aproximadamente 59.000 mortes humanas anualmente. Os principais reservatórios são carnívoros e quirópteros. Este vírus é dividido em dois filogrupos. Na América Latina e no Brasil, circula apenas o genótipo 1, expresso em diferentes variantes e linhagens associadas aos seus respectivos hospedeiros. As campanhas de vacinação reduziram drasticamente os casos de raiva canina no Brasil. Porém nos últimos anos, grande parte dos casos em animais domésticos apresentaram linhagens originadas de morcegos e canídeos silvestres decorrentes de *spillover*. A caracterização dessas variantes é tão importante quanto a detecção viral, pois direciona ações de vigilância. Apesar dos estudos conduzidos no estado de São Paulo e na região de Botucatu, ainda são necessárias pesquisas contínuas para mapear possíveis *spillover* entre animais silvestres e domésticos. O objetivo deste estudo foi identificar as linhagens circulantes a partir do gene N de cepas isoladas de vírus rábico (RABV) em morcegos insetívoros recebidos pelo Serviço de Diagnóstico de Zoonoses (SDZ) nos anos de 2024 e 2025. Foram analisadas oito amostras cerebrais positivas, submetidas à extração de RNA, RT-PCR, sequenciamento Sanger e análise filogenética por máxima verossimilhança. Além disso, foi realizada a caracterização espacial com base nas coordenadas dos pontos de coleta. As linhagens encontradas foram *Eptesicus* Brazil, *Histiotus* Brazil, *Myotis* Brazil e *Nyctinomops* Brazil, enquanto uma das amostras formou um cluster distinto. Os resultados diferem parcialmente de estudos anteriores realizados na mesma região, sugerindo mudanças na dinâmica de circulação viral e nas espécies hospedeiras envolvidas. Observou-se ainda possível transmissão interespecífica, além de associação dos casos a áreas urbanizadas próximas a fragmentos de vegetação, o que pode aumentar o risco de *spillover*. Conclui-se que o estudo evidencia a importância da vigilância contínua da raiva em morcegos, integrando dados moleculares, ecológicos e espaciais sob a perspectiva da Saúde Única.

Palavras-chave: Raiva; quirópteros; diversidade genética; análise filogenética.

SANTOS, VITÓRIA MAXIMIANA SOARES DOS. Study of the genetic diversity of rabies virus isolates from insectivorous bats submitted for rabies diagnosis from 2024 to 2025. Botucatu, 2025. 22 p. Trabalho de Conclusão de Residência em Medicina Veterinária (área de Zoonoses e Saúde Pública) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Campus de Botucatu, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho“.

ABSTRACT

Rabies is an acute and progressive viral zoonosis that affects mammals and is caused by viruses of the genus *Lyssavirus* spp. It presents a lethality rate close to 100% and is responsible for approximately 59,000 human deaths annually. The main reservoirs are carnivores and chiropterans. This virus is divided into two phylogroups. In Latin America and Brazil, only genotype 1 circulates, expressed in different variants and lineages associated with their respective hosts. Vaccination campaigns have drastically reduced cases of canine rabies in Brazil; however, in recent years, a large proportion of cases in domestic animals have involved lineages originating from bats and wild canids as a result of spillover events. The characterization of these variants is as important as viral detection, as it guides surveillance actions. Despite studies conducted in the state of São Paulo and in the Botucatu region, continuous research is still required to map potential spillover between wild and domestic animals. The objective of this study was to identify the circulating lineages based on the N gene of rabies virus (RABV) strains isolated from insectivorous bats received by the Zoonosis Diagnostic Service (SDZ) in 2024 and 2025. Eight positive brain samples were analyzed and subjected to RNA extraction, RT-PCR, Sanger sequencing, and phylogenetic analysis using the maximum likelihood method. In addition, spatial characterization was performed based on the geographic coordinates of the sampling sites. The lineages identified were *Eptesicus* Brazil, *Histiotus* Brazil, *Myotis* Brazil, and *Nyctinomops* Brazil, while one sample formed a distinct cluster. The results partially differ from previous studies conducted in the same region, suggesting changes in viral circulation dynamics and in the host species involved. Possible interspecific transmission was also observed, as well as an association of cases with urbanized areas close to vegetation fragments, which may increase the risk of spillover. It is concluded that this study highlights the importance of continuous rabies surveillance in bats, integrating molecular, ecological, and spatial data under the One Health perspective.

Keywords: Rabies; chiropterans; genetic diversity; phylogenetic analysis.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA ……..…... 6
2. OBJETIVO ……..…… 7
3. MATERIAIS E MÉTODOS ……..….. 7
    3.1.Aspectos éticos ……..... 7
    3.2.Obtenção de amostras e caracterização espacial…….…... 7
    3.3.Análise molecular ……. 8
    3.4.Análise filogenética ……..…..... 9
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO …….. 10
5. CONCLUSÃO ……...….. 15
6. REFERÊNCIAS …….……...…... 15
7. ANEXO 1 ……. 21

1. INTRODUÇÃO E REVISÃO DE LITERATURA

A Raiva é uma zoonose viral aguda e progressiva que acomete mamíferos. Apresenta letalidade próxima à 100%, sendo responsável por aproximadamente 59.000 mortes humanas anualmente (Hampson et al., 2015; Banyard; Tordo, 2018; WHO, 2024). Trata-se de um vírus neurotrópico transmitido por mordidas, arranhões e contato com saliva de animais infectados em mucosas ou pele lesionada (Chen et al., 2025). Os principais reservatórios são carnívoros e quirópteros, que coevoluiram com *Lyssavirus* por milhões de anos (Rupprecht et al., 2017).

O agente etiológico é do gênero *Lyssavirus* da família Rhabdoviridae, com genoma de RNA fita simples negativa, envelopado, de formato de projétil (Brasil, 2008; Zandi et al., 2021). Em seu genoma, estão presentes genes que codificam cinco proteínas estruturais, incluindo a nucleoproteína (N), fundamental para o encapsulamento e regulação da transcrição e replicação viral (Almeida et al., 2020).

O gênero é dividido em dois filogrupos. Na América Latina e no Brasil, circula apenas o genótipo 1, expresso em doze variantes antigênicas associadas aos seus respectivos hospedeiros (Hemachudha et al., 2006; Vargas et al., 2019). As campanhas de vacinação reduziram drasticamente os casos de raiva canina no Brasil, e as variantes caninas (AgV1 e AgV2) não causam casos humanos desde 2015. Entre 2015 e 2024, 86,7% dos felinos positivos para raiva apresentaram linhagens originadas de morcegos e canídeos silvestres decorrentes de *spillover* (Schneider et al., 2023; MS, 2024).

A caracterização dessas variantes é tão importante quanto a detecção viral, pois permite identificar quais espécies mantêm o vírus e como este se distribui geograficamente (Gigante et al., 2020). O sequenciamento do gene N é amplamente utilizado devido à sua alta conservação e utilidade para diferenciação de linhagens, sublinhagens e variantes virais (Almeida et al., 2020). A partir desse gene, diversas linhagens foram identificadas no Brasil, como aquelas associadas a morcegos insetívoros do gênero *Myotis*, *Eptesicus*, *Molossus*, *Histiotus*, *Lasiurus* e à espécie *Nyctinomops laticaudatus* (Oliveira et al., 2010).

Apesar dos estudos conduzidos no estado de São Paulo e na região de Botucatu (Oliveira et al., 2012; Menozzi et al., 2017), ainda são necessárias pesquisas contínuas para mapear possíveis *spillover* entre animais silvestres e domésticos, dada sua relevância direta para a saúde humana (Campbell et al., 2021).

2. OBJETIVO

6. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, G. L. de; CARGNELUTTI, J. F.; RIES, A. S.; FERREIRA, J. C.; ROSA, J. C. A.; BATISTA, H. B. C. R.; FLORES, E. F.; WEIBLEN, R. Sequence analysis of nucleoprotein gene reveals the co-circulation of lineages and sublineages of rabies virus in herbivorous in Rio Grande do Sul state, Brazil. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 51, n. 2, p. 837–846, 2020. DOI: https://doi.org/10.1007/s42770-020-00226-z.

BANYARD, A. C.; TORDO, N. Rabies pathogenesis and immunology. **Revue Scientifique et Technique (OIE)**, v. 37, n. 2, p. 323–330, 2018. DOI: 10.20506/rst.37.2.2805. DOI: https://doi.org/10.20506/rst.37.2.2805.

BRASIL. **Manual de diagnóstico laboratorial da raiva**. 1. ed. Brasília: Ministério da Saúde, Secretaria de Vigilância em Saúde, Departamento de Vigilância Epidemiológica, 2008. 106 p. (Série A. Normas e Manuais Técnicos).

BRASIL. Ministério da Saúde (MS). **Raiva animal**. Brasília, 2024. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/r/raiva/raiva-animal. Acesso em: 24 nov. 2025.

CALLAS, M.; LUMSDEN, L. F.; RENDALL, A. R.; YOKOCHI, K. **More trees and fewer roads: the importance of local and landscape features for insectivorous bats in open urban green spaces**. Wildlife Research, v. 51, p. WR23079, 2024. DOI: https://doi.org/10.1071/WR23079.

CAMPBELL, K.; GIFFORD, R. J.; SINGER, J.; HILL, V.; O'TOOLE, A.; RAMBAUT, A.; BRUNKER, K. Making genomic surveillance deliver: A lineage classification and nomenclature system to inform rabies elimination. **PLoS Pathogens**, v. 18, n. 5, e1010023, 2022. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010023.

CHEN, S.-J.; RAI, C.-I.; WANG, S.-C.; CHEN, Y.-C. Infection and prevention of rabies viruses. **Microorganisms**, v. 13, n. 2, p. 380, 2025. DOI: https://doi.org/10.3390/microorganisms13020380.

DE BENEDICTIS, P.; LEOPARDI, S.; MARKOTTER, W.; VELASCO-VILLA, A. The importance of accurate host species identification in the framework of rabies surveillance, control and elimination. **Viruses**, v. 14, n. 3, p. 492, 2022. DOI: https://doi.org/10.3390/v14030492.

DEAN, D. J.; ABELSETH, M. K.; ATANASIU, P. The fluorescent antibody test. In: MESLIN, F. X.; KAPLAN, M. M.; KOPROWSKI, H. (ed.). **Laboratory techniques in rabies**. 4. ed. Geneva: World Health Organization, 1996. p. 88–95.

EBY, P.; PEEL, A. J.; HOEGH, A.; MADDEN, W.; GILES, J. R.; HUDSON, P. J.; PLOWRIGHT, R. K. Pathogen spillover driven by rapid changes in bat ecology. **Nature**, v. 613, n. 7943, p. 340–344, 2023. DOI: https://doi.org/10.1038/s41586-022-05506-2.

GIGANTE, C. M.; YALE, G.; CONDORI, R. E.; COSTA, N. C.; LONG, N. V.; MINH, P. Q.; CHUONG, V. D.; THO, N. D.; THANH, N. T.; THIN, N. X.; HANH, N. T. H.; WAMBURA, G.; ADE, F.; MITO, O.; CHUCHU, V.; MUTURI, M.; MWATONDO, A.; HAMPSON, K.; THUMBI, S. M.; LI, Y. Portable rabies virus sequencing in canine rabies endemic countries using the Oxford Nanopore MinION. **Viruses**, v. 12, n. 11, p. 1255, 2020. DOI: https://doi.org/10.3390/v12111255.

GREGORY, T. R. Understanding evolutionary trees. **Evolution: Education and Outreach**, v. 1, p. 121–137, 2008. DOI: https://doi.org/10.1007/s12052-008-0035-x.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium Series**, v. 41, p. 95–98, 1999.

HAMPSON, K.; COUDEVILLE, L.; LEMBO, T.; SAMBO, M.; KIEFFER, A.; ATTLAN, M.; BARRAT, J.; BLANTON, J. D.; BRIGGS, D. J.; CLEAVELAND, S.; COSTA, P.; FREULING, C. M.; HIBY, E.; KNOPF, L.; LEANES, F.; MESLIN, F. X.; METLIN, A.; MIRANDA, M. E.; MÜLLER, T.; NEL, L. H.; RECUENCO, S.; RUPPRECHT, C. E.; SCHUMACHER, C.; TAYLOR, L.; VIGILATO, M. A.; ZINSSTAG, J.; DUSHOFF, J. Estimating the global burden of endemic canine rabies. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 9, n. 4, e0003709, 2015. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003709.

HEMACHUDHA, T.; WACHARAPLUESADEE, S.; LAOTHAMATAS, J.; WILDE, H. Rabies. **Current Neurology and Neuroscience Reports**, v. 6, p. 460–468, 2006. DOI: https://doi.org/10.1007/s11910-006-0047-2.

HOANG, D. T.; CHERNOMOR, O.; VON HAESELER, A.; MINH, B. Q.; VINH, L. S. UFBoot2: improving the ultrafast bootstrap approximation. **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, n. 2, p. 518–522, 2018. DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msx281.

JACQUOT, M.; WALLACE, M. A.; STREICKER, D. G.; BIEK, R. Geographic range overlap rather than phylogenetic distance explains rabies virus transmission among closely related bat species. **Viruses**, v. 14, n. 11, p. 2399, 2022. DOI: https://doi.org/10.3390/v14112399.

KALYAANAMOORTHY, S.; MINH, B. Q.; WONG, T. K. F.; VON HAESELER, A.; JERMIIN, L. S. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. **Nature Methods**, v. 14, p. 587–589, 2017. DOI:

https://doi.org/10.1038/nmeth.4285.

KATOH, K.; STANDLEY, D. M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. **Molecular Biology and Evolution**, v. 30, n. 4, p. 772–780, 2013. DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/mst010.

KAWAHARA, A. Y.; OHSHIMA, I.; KAWAKITA, A.; REGIER, J. C.; MITTER, C.; CUMMINGS, M. P.; DAVIS, D. R.; WAGNER, D. L.; DE PRINS, J.; LÓPEZ-VAAMONDE, C. Increased gene sampling strengthens support for higher-level groups within leaf-mining moths and relatives (Lepidoptera: Gracillariidae). **BMC Evolutionary Biology**, Londres, v. 11, p. 182, 2011. DOI: 10.1186/1471-2148-11-182. DOI: https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-182.

KOPROWSKI, H. The mouse inoculation test. In: MESLIN, F. X.; KAPLAN, M. M.; KOPROWSKI, H. (ed.). **Laboratory techniques in rabies**. 4. ed. Geneva: World Health Organization, 1996. p. 80–87.

LEWANZIK, D.; STRAKA, T. M.; LORENZ, J.; MARGGRAF, L.; VOIGT-HEUCKE, S.; SCHUMANN, A.; VOIGT, C. C. Evaluating the potential of urban areas for bat conservation with citizen science data. **Environmental Pollution**, v. 297, p. 118785, 2022. DOI: https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.118785.

MENOZZI, B. D.; NOVAES OLIVEIRA, R. de; PAIZ, L. M.; RICHINI-PEREIRA, V. B.; LANGONI, H. Antigenic and genotypic characterization of rabies virus isolated from bats (*Mammalia: Chiroptera*) from municipalities in São Paulo State, Southeastern Brazil. **Archives of Virology**, v. 162, p. 1201–1209, 2017. DOI: https://doi.org/10.1007/s00705-017-3220-9.

NGUYEN, L.-T.; SCHMIDT, H. A.; VON HAESELER, A.; MINH, B. Q. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, v. 32, p. 268–274, 2015. DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msu300.

OLIVEIRA, R.; DE SOUZA, S.; LOBO, R.; CASTILHO, J.; MACEDO, C.; CARNIELI, P.; FAHL, W.; ACHKAR, S.; SCHEFFER, K.; KOTAIT, I.; CARRIERI, M.; BRANDÃO, P. Rabies virus in insectivorous bats: implications of the diversity of the nucleoprotein and glycoprotein genes for molecular epidemiology. **Virology**, v. 405, n. 2, p. 352–360, 2010. DOI: https://doi.org/10.1016/j.virol.2010.05.030.

OLIVEIRA, R. N.; CASTILHO, J. G.; BATISTA, H. B. C. R.; PAULA, F. C.; CARNIELI Jr, P.; LIMA, J. Y. O.; ...; BRANDÃO, P. E. A review of the classification of rabies virus lineages maintained by insectivorous bats in Brazil. **Revista de Educação Continuada em Medicina Veterinária e Zootecnia do CRMV-SP**, v. 10, n. 2/3, p. 96–96, 2012.

PACHECO, S. M.; SODRÉ, M.; GAMA, A. R.; BREDT, A.; SANCHES, E.; MARQUES, R.; GUIMARÃES, M.; BIANCONI, G. Morcegos urbanos: status do conhecimento e plano de ação para a conservação no Brasil. **Chiroptera Neotropical**, v. 16, p. 629–647, 2010.

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; PEDRO, W. A.; LIMA, I. P. de (Ed.). **Morcegos do Brasil**. Londrina: Universidade Estadual de Londrina, 2007.

REIS, N. R.; PERACCHI, A. L.; BATISTA, C. B.; LIMA, I. P. de; PEREIRA, A. D. (Ed.). **História natural dos morcegos brasileiros: chave de identificação de espécies**. Rio de Janeiro: Technical Books Editora, 2017.

RUPPRECHT, C. E.; KUZMIN, I.; MESLIN, F. Lyssaviruses and rabies: current conundrums, concerns, contradictions and controversies. **F1000Research**, v. 6, p. 184, 2017. DOI: https://doi.org/10.12688/f1000research.10416.1.

SANGER, F.; NICKLEN, S.; COULSON, A. R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 74, p. 5463–5467, 1977. DOI: https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463.

SCHNEIDER, M. C.; MIN, K.-D.; ROMIJN, P. C.; DE MORAIS, N. B.; MONTEBELLO, L.; MANRIQUE ROCHA, S.; SCIANCALEPORE, S.; HAMRICK, P. N.; UIEDA, W.; CÂMARA, V. D. M.; LUIZ, R. R.; BELOTTO, A. Fifty years of the National Rabies Control Program in Brazil under the One Health perspective. **Pathogens**, v. 12, n. 11, p. 1342, 2023. DOI: https://doi.org/10.3390/pathogens12111342.

SOUZA, D. N. de; OLIVEIRA, R. N.; ASPRINO, P. F.; BETTONI, F.; MACEDO, C. I.; ACHKAR, S. M.; FAHL, W. O.; BRANDÃO, P. E.; CASTILHO, J. G. Evolution and divergence of the genetic lineage *Desmodus rotundus/Artibeus lituratus* of rabies virus in São Paulo State. **Archives of Virology**, v. 168, n. 11, p. 266, 2023. DOI: https://doi.org/10.1007/s00705-023-05864-w.

VARGAS, A.; CASTRO, Á. L. M.; CASTRO, A. P. B. de; CALDAS, E. P. de; KOTAIT, I.; PEREIRA, L. R. M.; TAKAOKA, N. Y.; CUNHA, R. S.; OLIVEIRA, R. C. de; NISHIOKA, S. de A.; ROCHA, S. M. Raiva. *In*: BRASIL. Ministério da Saúde. **Guia de Vigilância em Saúde**. 3. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2019. p. 626-651.

WEBBER, Q. M.; BRIGHAM, R. M.; PARK, A. D.; GILLAM, E. H.; O'SHEA, T. J.; WILLIS, C. K. Social network characteristics and predicted pathogen transmission in summer colonies of female big brown bats (*Eptesicus fuscus*). **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v. 70, n. 5, p. 701–712, 2016. DOI: https://doi.org/10.1007/s00265-016-2093-3.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. **Rabies**. Geneva, 2024. Disponível em:

https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/rabies. Acesso em:24 nov.2025.

ZANDI, F.; GOSHADROU, F.; MEYFOUR, A.; VAZIRI, B. Rabies infection: an overview of lyssavirus-host protein interactions. **Iranian Biomedical Journal**, v. 25, n. 4, p. 226–242, 2021. DOI: https://doi.org/10.52547/ibj.25.4.226.