UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL
DEPARTAMENTO DE PATOLOGIA, REPRODUÇÃO E SAÚDE ÚNICA

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE AGENTES ANAPLASMATACEAE, *Bartonella* spp. e MICOPLASMAS HEMOTRÓPICOS EM TATUS E TAMANDUÁS NO SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL

Jovêncio Mateus Sada
Médico Veterinário

2024

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO"
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL
DEPARTAMENTO DE PATOLOGIA, REPRODUÇÃO E SAÚDE ÚNICA

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE AGENTES ANAPLASMATACEAE, *Bartonella* spp. e MICOPLASMAS HEMOTRÓPICOS EM TATUS E TAMANDUÁS NO SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL

Jovêncio Mateus Sada

Orientador: Prof. Dr. Marcos Rogério André

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciências Veterinárias; área: Saúde Única

2024

S124d

Sada, Jovêncio Mateus

Detecção e caracterização molecular de agentes Anaplasmataceae, Bartonella spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás no sudeste e centro-oeste do Brasil / Jovêncio Mateus Sada. -- Jaboticabal, 2024

136 f. : il., tabs., mapas

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Marcos Rogério André

1. Diagnóstico Molecular. 2. Filogenia. 3. Agentes Patogénicos. 4. Diversidade Genética. 5. Tatus e Tamanduás. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

Impacto potencial desta pesquisa

Tatus e tamanduás são mamíferos pertencentes à superordem Xenarthra, um grupo monofilético, originado na América do Sul. No total, são reconhecidas dez espécies de tamanduás e 22 de tatus, distribuídas do centro-sul da América do Norte ao Sul da América do Sul. Este grupo de mamíferos tem sofrido bastante em relação à redução de seu número de espécimes e, de acordo com a lista vermelha de espécies ameaçadas da IUCN (*International Union for Conservation of Nature*), algumas espécies são classificadas como ameaçadas à extinção e outras como espécies vulneráveis. Tais ameaças de extinção e vulnerabilidade deste grupo de animais estão relacionadas à ação humana, como caça, atropelamento nas rodovias, ataque por cães, incêndios florestais e perda de hábitat. Essa constatação está provavelmente relacionada às mudanças antropogênicas que levam à perda do habitat natural dos tatus e tamanduás, forçando-os a utilizar ambientes associados a animais domésticos, como pastagens. Isso pode resultar na troca de vetores artrópodes e microrganismos relacionados entre os hospedeiros. Embora tais animais possam atuar como reservatórios de inúmeros agentes zoonóticos, raros estudos buscaram investigar a ocorrência e diversidade de agentes transmitidos por vetores artrópodes neste grupo de animais, tais como agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos (hemoplasmas). O presente trabalho mostrou a ocorrência de *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* sp. e hemoplasmas em amostras de sangue e baço de tatus e tamanduás de vida-livre amostrados nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. O potencial zoonótico de tais agentes é ainda desconhecido.

Potential Impact of this research

Armadillos and anteaters are mammals belonging to the superorder Xenarthra, a monophyletic group that originated in South America. A total of ten species of anteaters and 22 species of armadillos are recognized and distributed from the central-southern United States to southern South America. This group of mammals has experienced significant population declines, and according to the IUCN (*International Union for Conservation of Nature*), some species are classified as endangered while others are considered vulnerable. These threats to extinction and vulnerability are largely related to human activities, including hunting, roadkills, dog attacks, wildfires, and habitat loss. This situation is likely associated to anthropogenic changes that lead to the loss of the natural habitats of armadillos and anteaters, forcing them to utilize environments associated with domestic animals, such as pastures. This can result in the exchange of arthropod vectors and microorganisms between hosts. While these animals may serve as reservoirs for several zoonotic agents, few studies have investigated the occurrence and diversity of arthropod-borne agents within this group, such as Anaplasmataceae, *Bartonella* spp., and hemotropic mycoplasmas (hemoplasmas). The present study demonstrated the presence of *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* sp., and hemoplasmas in blood and spleen samples from wild armadillos and anteaters sampled in the southeastern and central-western regions of Brazil. The zoonotic potential of these agents remains unknown.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE AGENTES ANAPLASMATACEAE, *Bartonella* spp. e MICOPLASMAS HEMOTRÓPICOS EM TATUS E TAMANDUÁS NO SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL

AUTOR: JOVÊNCIO MATEUS SADA

ORIENTADOR: MARCOS ROGÉRIO ANDRÉ

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Ciências Veterinárias, área: Saúde Única pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. MARCOS ROGÉRIO ANDRÉ (Participaçao Virtual)
Departamento de Patologia Reproducao e Saude Unica / FCAV UNESP Jaboticabal

Profa. Dra. MARISTELA PECKLE PEIXOTO (Participaçao Virtual)
Departamento de Medicina e Cirurgia Veterinária / Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) - Rio de Janeiro/RJ

Prof. Dr. ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE (Participaçao Virtual)
Departamento de Patologia, Reproducao e Saude Unica / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 01 de agosto de 2024

gov.br Documento assinado digitalmente
ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE
Data: 02/08/2024 08:50:41-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

gov.br Documento assinado digitalmente
MARISTELA PECKLE PEIXOTO
Data: 02/08/2024 12:36:54-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

gov.br Documento assinado digitalmente
MARCOS ROGERIO ANDRE
Data: 02/08/2024 12:49:01-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Jovêncio Mateus Sada – nascido no Distrito de Maganja da Costa, Província da Zambézia - Moçambique, em 06 de novembro de 1989. Filho de Mateus Sada Maia e Benedita Sambique. Graduado em Medicina Veterinária pela Universidade Eduardo Mondlane – Faculdade de Veterinária, Maputo - Moçambique, no ano de 2015. Durante a graduação, paricipou em campanhas de vacinação contra raiva na Cidade de Matola e Maputo, em atividades de Extensão Universitária nos distritos de Mabalane e Manjacaze, província de Gaza e Moamba, província de Maputo. Foi estagiário no Centro Universitário de Changalane, distrito de Namaacha, província de Maputo, de agosto a dezembro de 2014, onde atuou na área de Produção e Sanidade Animal sob orientação da Profa. Dra. Gracinda Mataveia. De 2016 a 2020 trabalhou como professor da disciplina de Agropecuária na Escola Secundária de Maganja da Costa e atualmente Assistente Universitário na Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Licungo – Moçambique. Ingressou no curso de Mestrado do Programa de Pós-graduação em Ciências Veterinárias (área de concentração: Saúde Única) na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Campus Jaboticabal, São Paulo - Brasil no ano de 2023, como bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior CAPES, atuando principalmente no Diagnóstico e caracterização molecular de hemoparasitas transmitidos por vetores artrópodes em animais selvagens, sob orientação do Prof. Dr. Marcos Rogério André.

DEDICATÓRIA

Dedico o presente trabalho ao meu pai Mateus Sada Maia e à minha mãe Benedita Sambique, pela educação e pelos valores ensinados. À minha namorada Jacinta pelo amor e apoio incondicional. Aos meus filhos, irmãos, amigos, tios e colegas pela força e constante apoio durante essa jornada.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pelo dom de vida e por sua presença constante em minha vida, principalmente durante esta jornada e por ter me dado força e saúde para que eu pudesse alcançar meus objetivos.

Aos meus pais Mateus Sada Maia e Benedita Sambique, minha namorada Jacinta Almeida e aos meus irmãos Sadalito, Benedita, Wilson, Jovane, Fernanda e Manuela (Sothotha) pelas pessoas que são e pelo apoio durante o curso.

O meu sincero e profundo agradecimento para o meu orientador Prof. Dr. Marcos Rogério André, pela oportunidade, confiança, acompanhamento, transmissão de conhecimentos e toda a paciência neste processo, no qual pôde contribuir imensamente com meu crescimento acadêmico e profissional.

À Profa. Dra. Karin Werther do Departamento de Patologia Veterinária UNESP-FCAV) e ao projeto Bandeira e Rodovias (em especial ao Arnauld Leonard Jean Desbiez, Danilo Kluyber, Mário Henrique Alves e Débora Regina Yogui), por terem gentilmente cedido as amostras biológicas dos Xenarthra utilizadas nesse projeto.

Um especial agradecimento ao Daniel Lee que desde o princípio do processo incentivou-me a não desistir quando tudo dava errado. À Dália Machado, companheira de todos os momentos, muito obrigado.

Aos amigos e colegas de laboratório Lorena das Neves, Caroline Secato, Victória Valente, Amir Alabí, Clara Dias, Gabrielly Lopes, Lizeth Banguero, João Vitor da Silva, Paulo Arantes, Eliz Franco e Ana Calchi pela convivência, pelos ensinamentos, auxílios e apoio.

A todos os estagiários e bolsistas de Iniciação Científica que passaram pelo laboratório nesse período, por toda contribuição.

Aos funcionários da FCAV-UNESP principalmente do Departamento de Patologia,
Reprodução e Saúde Única e da Seção de Pós-Graduação por toda ajuda fornecida durante esse período.

À Universidade Licungo pelo apoio e liberação para dar continuidade com os estudos.

E por fim, a todos que direta e indiretamente contribuíram para o meu sucesso, quero deixar o meu muitíssimo obrigado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP - Processo 2022/08453-2) pelo auxílio financeiro concedido ao Prof. Marcos R. André para que este trabalho pudesse ser realizado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, que forneceu minha bolsa durante todo mestrado.

SUMÁRIO

Certificado de Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA)- tatus e tamanduás do sudeste e centro-oeste do Brasil 3

RESUMO 4

ABSTRACT 5

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS 6

1. Introdução 6

1.1. OBJETIVOS 7

1.1.1. Objetivo Geral 7

1.1.2. Objetivos Específicos 7

2. REVISÃO DE LITERATURA 8

2.1. Superordem Xenarthra 8

2.1.1. Ordem Cingulata 9

2.1.2. Ordem Pilosa 10

2.1.2.1. Subordem Folivora 10

2.1.2.2. Subordem Vermilingua 11

2.2. Agentes bacterianos transmitidos por vetores 12

2.2.1. Agentes Anaplasmataceae 12

2.2.1.1. Ciclo de vida e Transmissão 12

2.2.2. *Bartonella* spp. 24

2.2.3. Hemoplasmas (Micoplasmas hemotrópicos) 29

3. Referências 34

CAPÍTULO 2: Detecção e caracterização molecular de agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás no Brasil 62

Resumo 63

1. Introdução 65

2. MATERIAL E MÉTODOS 68

2.1. Comitê de Ética....68

2.2. Espécies amostradas e área de estudo....68

2.3. Extração de DNA....70

2.4. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp....70

2.5. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de *Bartonella* spp....71

2.6. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de hemoplasmas....72

2.7. Eletroforese em gel de agarose....72

2.8. Sequenciamento....73

2.9. Análise Filogenética....73

3. Resultados....74

3.1. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp....74

3.2. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para hemoplasmas....79

3.3. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para *Bartonella* spp....88

4. Discussão....94

5. Conclusão....97

6. Agradecimentos....97

7. Financiamento....97

8. Contribuições dos autores....98

9. Conflito de interesses....98

10. Referências....99

Certificado de Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA)- tatus e tamanduás do sudeste e centro-oeste do Brasil



unesp UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO" Câmpus de Jaboticabal

CEUA – COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS

CERTIFICADO

Certificamos que o projeto de pesquisa intitulado "**Detecção e caracterização molecular de agentes Anaplasmataceae, Bartonella spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil**", protocolo nº 1467/2024, sob a responsabilidade do Prof. Dr. Marcos Rogério André, 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) - encontra-se de acordo com os preceitos da lei nº 11.794, de 08 de outubro de 2008, no decreto 6.899, de 15 de julho de 2009, e com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal (CONCEA), e foi aprovado "*Ad referendum*" pela COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS (CEUA), da FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS, UNESP - CÂMPUS DE JABOTICABAL-SP.

Vigência do Projeto	01/04/2024 a 30/07/2026
Espécie / Linhagem	Amostras de DNA extraídas de sangue e baço de Xenarthras
Nº de animais	167 amostras de DNA extraídas de sangue e baço de Xenarthras
Peso / Idade	Não se aplica
Sexo	Não se aplica
Origem	Estado de São Paulo e Mato Grosso do Sul, Brasil

Jaboticabal, 28 de março de 2024.

Dra. Helena Cristina Delgado Brito
Coordenadora – CEUA

Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias
Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n CEP 14884-900 - Jaboticabal - SP
(16) 3209-7100 www.fcav.unesp.br

Digitalizado com CamScanner

DETECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE AGENTES ANAPLASMATACEAE, *Bartonella* spp. e MICOPLASMAS HEMOTRÓPICOS EM TATUS E TAMANDUÁS NO SUDESTE E CENTRO-OESTE DO BRASIL

RESUMO

Os tatus e tamanduás apresentam uma ampla variedade de interações com diversos agentes patogênicos e ectoparasitos que, aliadas às suas características fisiológicas e ecológicas, contribuem para que se tornem potenciais hospedeiros para uma ampla variedade de agentes patogênicos. Entretanto, poucos estudos investigaram a ocorrência e diversidade de agentes transmitidos por vetores neste grupo de animais. O presente estudo objetivou investigar a ocorrência e identidade molecular de *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp., *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos (hemoplasmas) em tatus e tamanduás de vida-livre amostrados nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. Para tal, foram analisadas 167 amostras biológicas (139 de sangue e 28 de baço) de mamíferos Xenarthra amostrados nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul: 48 de tatu-peba (*Euphractus sexcinctus*), 29 de tatu-canastra (*Priodontes maximus*), 4 de tatu-galinha (*Dasypus novemcinctus*), 1 de tatu-de-rabo-mole (*Cabassous unicinctus*), 79 de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) e 6 de tamanduá-mirim (*Tamandua tetradactyla*). Foram realizados ensaios de PCR de triagem para *Ehrlichia* spp. com base no gene *dsb*, nested PCR para *Anaplasma* spp. e PCR para micoplasmas hemotrópicos com base no gene 16S rRNA, e de qPCR para *Bartonella* spp. com base na região intergênica 16-23S rRNA (ITS). As amostras positivas foram adicionalmente submetidas a ensaios de PCR direcionados a diferentes marcadores moleculares para caracterização molecular. 1/48 (0,59%) amostra de sangue de *E. sexcintus* foi positiva para *Anaplasma* spp. e 1/79 (0,59%) amostra de sangue de *M. tridactyla* para *Ehrlichia* spp. A sequência 16S rRNA de *Anaplasma* sp. detectada em *E. sexcintus* posicionou-se no mesmo clado de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis', previamente detectado em *T. tetradactyla*. A sequência *dsb* de *Ehrlichia* sp. detectada em *M. tridactyla* posicionou-se no mesmo clado de *Ehrlichia minasensis.* Na PCR para hemoplasmas, 31/46 (64,5%) *E. sexcinctus*, 9/29 (65,5%) *P. maximus,* 2/4 (50%) *D. novemcinctus*, 33/79 (41,7%) *M. tridactyla* e 2/6 (33,3%) *T. tetradactyla* mostraram-se positivos. As sequências 16S rRNA e 23S rRNA de hemoplasmas detectadas em *E. sexcintus* foram posicionadas no mesmo clado que '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus' previamente detectado em *P. maximus* no Brasil. Alta positividade foi também verificada para *Bartonella* spp. 23/48 (47,9%) *E. sexcinctus*, 1/4 (25%) *D. novemcinctus*, 9/29 (31%) *P. maximus*, 21/79 (26,5%) *M. tridactyla*, e 3/6 (50%) *T. tetradactyla*. As sequências *ftsZ* de *Bartonella* sp. detectadas em *E. sexcintus* posicionaram-se juntamente com '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' previamente detectada em tatus-peba no Brasil. Os achados do presente estudo reforçam a ocorrência de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' e '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' em tatus, e *E. minasensis* em tamanduás. Trata-se do primeiro relato de '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', hemoplasma anteriormente descrito em tatus-canastra, em tatus-peba.

Palavras-chave: *Anaplasma* spp.; *Ehrlichia* spp.; Bartonellaceae; hemoplasmas; diagnóstico molecular; Xenarthra

MOLECULAR DETECTION AND CHARACTERIZATION OF ANAPLASMATACEAE AGENTS, *Bartonella* spp. AND HEMOTROPIC MYCOPLASMAS IN ARMADILLOS AND ANTEATERS IN SOUTHEASTERN AND CENTRAL-WESTERN BRAZIL

ABSTRACT

Armadillos and anteaters exhibit a wide range of interactions with various pathogens and ectoparasites, which, combined with their physiological and ecological characteristics, contribute to their potential as hosts for a broad array of pathogens. However, there has been limited research into the occurrence and diversity of vector-borne agents within this group of animals. The present study aimed to investigate the occurrence and molecular identity of *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp., *Bartonella* spp. and hemotropic mycoplasmas (hemoplasmas) in free-ranging armadillos and anteaters sampled in the southeast and central-west regions of Brazil. To this purpose, 167 biological samples (139 blood and 28 spleen) from Xenarthra mammals sampled in the states of São Paulo and Mato Grosso do Sul were analyzed: 48 from six-banded armadillos (*Euphractus sexcinctus*), 29 from giant armadillos (*Priodontes maximus*), 4 from nine-banded armadillos (*Dasypus novemcinctus*), 1 from naked-tailed armadillo (*Cabassous unicinctus*), 79 from giant anteaters (*Myrmecophaga tridactyla*) and 6 from southern tamanduas (*Tamandua tetradactyla*). Screening PCR assays were performed for *Ehrlichia* spp. based on the *dsb* gene, nested PCR for *Anaplasma* spp. and PCR for hemotropic mycoplasmas based on the 16S rRNA gene, and qPCR for *Bartonella* spp. based on the 16-23S rRNA intergenic region (ITS). The positive samples were additionally subjected to PCR assays targeting different molecular markers for molecular characterization. As a result, 1/48 (0.59%) blood sample from *E. sexcintus* was positive for *Anaplasma* spp., and 1/79 (0.59%) blood sample from *M. tridactyla* was positive for *Ehrlichia* spp. The 16S rRNA sequence of *Anaplasma* sp. detected in *E. sexcintus* clustered within the same clade as 'Candidatus *Anaplasma brasiliensis*', previously detected in *T. tetradactyla*. The *dsb* sequence of *Ehrlichia* sp. detected in *M. tridactyla* clustered within the same clade as *Ehrlichia minasensis*. In the PCR tests for hemoplasmas, 31/46 (64.5%) *E. sexcinctus*, 9/29 (65.5%) *P. maximus*, 2/4 (50%) *D. novemcinctus*, 33/79 (41.7%) *M. tridactyla*, and 2/6 (33.3%) *T. tetradactyla* tested positive. The 16S rRNA and 23S rRNA sequences of hemoplasmas found in *E. sexcinctus* clustered within the same clade as 'Candidatus *Mycoplasma haematomaximus*', which was previously detected in *P. maximus* in Brazil. High positivity rates were also observed for *Bartonella* spp., with 23/48 (47.9%) *E. sexcinctus*, 1/4 (25%) *D. novemcinctus*, 9/29 (31%) *P. maximus*, 21/79 (26.5%) *M. tridactyla*, and 3/6 (50%) *T. tetradactyla* showing positive results. The ftsZ sequences of *Bartonella* sp. detected in *E. sexcinctus* clustered with 'Candidatus *Bartonella washoensis* subsp. *brasiliensis*', previously identified in *Tatus peba* in Brazil. These findings reinforce the presence of 'Candidatus *Anaplasma brasiliensis*' and 'Candidatus *Bartonella washoensis* subsp. *brasiliensis*' in armadillos, and *Ehrlichia minasensis* in anteaters. This is the first report of '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', a hemoplasma previously described in giant armadillos, in six-banded armadillos.

KeyWords: *Anaplasma* spp.; *Ehrlichia* spp.; Bartonellaceae; hemoplasmas; molecular diagnosis; Xenarthra.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. Introdução

Tatus e tamanduás são mamíferos pertencentes à superordem Xenarthra, um grupo monofilético, originado na América do Sul, que tem como características a existência de articulações atípicas entre as vértebras, das quais o nome Xenarthra foi derivado (em grego, *xenos* = estranho e *arthros* = articulação). No total, são reconhecidas 32 espécies, sendo dez de tamanduás e 22 de tatus, distribuídas do centro-sul da América do Norte ao Sul da América do Sul. Este grupo de mamíferos tem sofrido bastante em relação à redução de seu número de espécimes e, de acordo com a lista vermelha de espécies ameaçadas da IUCN (*International Union for Conservation of Nature*), as espécies *Cabassous chacoensis* (tatu-de-rabo-mole-do-Chaco), *Dasypus hybridus* (tatuíra), *Dasypus sabanicola* (tatu-das savanas), *Tolypeutes matacus* (tatu-bola) e *Zaedyus pichiy* (piche) são consideradas como quase ameaçadas à extinção. Por outro lado, *Myrmecophaga tridactyla* (tamanduá-bandeira), *Priodontes maximus* (tatu-canastra) e *Tolypeutes tricinctus* (tatu-bola) estão classificadas como espécies vulneráveis (IUCN, 2023). Tais ameaças de extinção e vulnerabilidade deste grupo de animais estão relacionadas à ação humana, como caça, atropelamento nas rodovias, ataque por cães, incêndios florestais e além da perda de habitat (Klink e Machado, 2005; Martins et al., 2015; De Medeiros, 2018; Silva et al., 2020).

Estes mamíferos atuam como reservatórios para diversos agentes potencialmente patogênicos, tais como *Leishmania* spp., *Trypanosoma cruzi* e *Toxoplasma gondii*, sendo que estes dois últimos agentes já foram detectados em tatus de vida livre no estado do Mato-Grosso-do-Sul, centro-oeste do Brasil. Porém, raros são os estudos que buscaram investigar a ocorrência de agentes transmitidos por vetores artrópodes neste grupo de animais, tais como agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos (hemoplasmas).

No Brasil, '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' foi detectado em tamanduás (*Tamandua tetradactyla*) no estado de São Paulo. Mais recentemente, *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. foram molecularmente detectados em tatus-galinha (*Dasypus novemcinctus*) no bioma Amazônico da Guiana Francesa. Em relação a *Bartonella* spp., um possível novo agente, denominado '*Candidatus* Bartonella washoensis

subsp. brasiliensis', foi detectado em tatus (*Euphractus sexcinctus*) e tamanduás (*Tamandua tetradactyla*) nos estados do Mato Grosso do Sul e Pará, respectivamente. Similarmente, novos micoplasmas hemotrópicos foram descritos em tatus e tamanduás no Brasil, a saber: ''*Candidatus* Mycoplasma haematotetradactyla', detectado em *Tamandua tetradactyla* nos estados de Mato Grosso do Sul, Pará, e Rio Grande do Sul, e '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', detectado em *Priodontes maximus* no estado de Mato Grosso do Sul. Em vista disso, o presente estudo teve como objetivo investigar a ocorrência e identidade molecular de agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul.

1.1. OBJETIVOS

1.1.1. Objetivo Geral

O presente estudo objetivou investigar a ocorrência e identidade molecular de agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e hemoplasmas em tatus e tamanduás amostrados nos estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.

1.1.2. Objetivos Específicos

- Investigar a ocorrência molecular de agentes Anaplasmataceae (*Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp.), *Bartonella* spp. e hemoplasmas em amostras de sangue e baço de tatus e tamanduás amostrados nos estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo;
- Traçar inferências filogenéticas com as sequências obtidas, posicionando-as, dentro de um parentesco evolutivo, com espécies e genótipos de agentes Anaplasmataceae (*Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp.), *Bartonella* spp. e *Mycoplasma* spp.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Superordem Xenarthra

A Superordem Xenarthra engloba tatus, preguiças e tamanduás. Trata-se de um grupo monofilético, originado na América do Sul. Anteriormente, alguns autores posicionavam Xenarthra e Pholidota em Edentata (Novacek, 1992; Gaudin e Wible, 1999), termo que se refere à redução ou completa perda dos dentes. Entretanto, estudos posteriores (Mckenna e Bell, 1997), incluindo análises filogenéticas (Delsuc et al., 2001; Madsen et al., 2001), rejeitaram a existência de Edentata e posicionaram Pholidota próximo a Carnivora, atribuindo a perda de dentes nos pangolins a uma convergência adaptativa relacionada à mimercofagia. O termo ‘xenarthra’ (em grego, xenos = estranho; arthros = articulação) agrupa as espécies que apresentam em comum uma articulação diferenciada conhecida como ‘processo xenarthro’. Trata-se de uma articulação secundária entre as vértebras lombares e entre o ísquio e a coluna vertebral (Gaudin, 1999). Essas articulações adicionais só podem ser encontradas em tatus, preguiças e tamanduás, e conferem maior resistência e flexibilidade ao esqueleto axial. Em conjunto com membros terminados em garras fortes e robustas, tais articulações facilitam a realização de tarefas que exigem grande desgaste do esqueleto, como a escavação para os tatus, quebra de cupinzeiros para os tamanduás e a rotação do corpo em até 180° para as preguiças arborícolas. Trata-se da única sinapomorfia amplamente reconhecida do ponto de vista morfológico e compartilhada entre este grupo de animais (Mendel, 1985; Gaudin, 1999). Todos os mamíferos Xenarthra também têm uma dentição reduzida, que é levada ao extremo em tamanduás, que não têm dentes. Preguiças e tatus têm um número variável de dentes simples, sempre crescentes e sem esmalte. Outras características incomuns compartilhadas entre os Xenarthra são uma baixa taxa metabólica (o que significa que utilizam menos energia que outros mamíferos do mesmo tamanho) e uma temperatura corporal baixa e variável (ASASG, 2024).

Atualmente, a Superordem Xenarthra é dividida em duas ordens: Cingulata e Pilosa. A primeira é caracterizada pela presença de osteodermos e composta pelas famílias Dasypodidae e Chlamyphoridae, que compreende tatus. Já a segunda engloba animais com pelagem densa e ausência ou pouco desenvolvimento dos

dentes, sendo composta por quatro famílias, a saber: Bradypodidae (preguiças-de-três-dedos), Megalonychidae (preguiças-de-dois-dedos), Cyclopedidae (tamanduaí) e Myrmecophagidae (tamanduás) (Gardner, 2005).

2.1.1. Ordem Cingulata

A ordem Cingulata é composta por duas famílias viventes, Dasypodidae e Chlamyphoridae, representadas por tatus. Tais animais têm o corpo coberto por estruturas móveis denominadas bandas ou cintas móveis, formadas por estruturas ósseas de origem dérmica, chamados de osteodermos. A carapaça está dividida três regiões: bandas cefálicas e escapulares que cobrem a cabeça e a cintura escapular (ombros) não-móveis; bandas lombares, que cobrem a região mediana do corpo, geralmente móveis e utilizadas para reconhecimento das espécies; bandas pélvicas/caudais, que recobrem a cintura pélvica e cauda (exceto em tatus do gênero *Cabassous*, que têm uma cauda nua), mostrando mobilidade na região de ligação do corpo com a cauda. Essas estruturas têm como função protegê-los de predadores (Emmons e Feer,1990; Mcdonough e Lougry, 2001).

Os tatus atuais são animais exclusivos da fauna neotropical (parte da América Central e do Sul), exceto o tatu de nove bandas (*Dasypus novemcinctus*) que foi introduzido na América do Norte entre os séculos XIX e XX. Hoje sua distribuição geográfica vai desde o Estreito de Magalhães (Sul da Patagônia) até o Centro-Sul dos Estados Unidos (Wetzel, 1985a; Nowak, 1999). Os tatus são animais de hábito fossorial-terrestre e passam a vida construindo tocas, geralmente subterrâneas e cavoucando o solo à procura de alimentos (Feldhammer et al., 1999).

São animais solitários durante a maior parte da vida, somente se encontrando com outros da mesma espécie na época do acasalamento (Benirschke, 1968), e territorialistas, protegendo sua área de vida intensamente contra a invasão de outros tatus e animais de pequeno porte. Têm seu período de maior atividade entre o final da tarde até o começo da manhã (crepuscular/noturno), mas algumas espécies também têm atividades durante o dia, como o tatu-canastra (*Priodontes maximus*), o tatu-de-nove-bandas (*Dasypus novemcinctus*), o tatu-bola (T*olypeutes* spp.) e o tatu-peba (*Euphractus sexcinctus*). Embora ocasionalmente possam morder ou utilizar as unhas como defesa, preferem correr ou esconder-se em buracos quando se sentem

ameaçados. Em casos nos quais não seja possível fugir, algumas espécies encostam as margens do casco no chão, enquanto outros rolam em formato de bola protegidas por sua cobertura córnea (Cubas et al., 2007).

Em relação aos hábitos alimentares, estes animais são classificados em três categorias: carnívoro-onívoros, que se alimentam preferencialmente de pequenos vertebrados e invertebrados e algumas vezes de raízes (*Zaedyus*, *Euphractus* e *Chaetophractus*); insetívoros generalistas fossoriais, que se alimentam-se de invertebrados que vivem no interior do solo, como minhocas, lesmas e raramente raízes (*Chlamyphorus*); insetívoros generalistas terrestres, que se alimentam de besouros, formigas, caracóis, entre outros, vivendo na superfície do solo, e raramente comendo carniça, raízes e frutas (*Dasypus*) (Redford e Wetzel, 1985).

2.1.2. Ordem Pilosa

A ordem Pilosa engloba animais com pelagem densa e ausência ou pouco desenvolvimento dos dentes e composta por subordem Folivora e Vermiligua.

2.1.2.1. Subordem Folivora

A subordem Folivora é representada pelas preguiças das famílias Bradypodidae e Megalonichidae (Nowak, 1999). A famila Bradypodidae inclui apenas preguiças-de-três dedos, pertencentes ao gênero *Bradypu,* com quatro espécies: *Bradypus torquatus* (preguiça-de-coleira), *Bradypus tridactylus* (preguiça-de-bentinho), *Bradypus variegatus* (preguiça-comum) e *Bradypus pygmaeus* (preguiça-anã-de-três-dedos) (Wetzel, 1985b). A família Megalonychidae inclui atualmente somente preguiças-de-dois-dedos, pertencentes ao gênero *Choloepus*, com duas espécies: *Choloepus didactylus* (preguiça-real) e *Choloepus hoffmanni* (preguiça-de-dois-dedos); Estes gêneros estão distribuídos por toda a América Central e do Sul (Wetzel, 1985b)

As preguiças possuem hábitos solitários, exceto no período de acasalamento e cuidados com os filhotes (Queiroz, 1995). São folívoras e arborícolas, passam a maior parte do tempo em repouso na copa das árvores, onde se deslocam com movimentos lentos, utilizando a extremidade dos galhos na sua travessia entre as árvores (Montgomery e Sunquist, 1975; Cassano, 2006; Cubas et al., 2007). Descem ao solo

em poucas ocasiões, quando estão em áreas abertas com ausência de conexão entre as árvores ou em casos em que sintam a necessidade de defecar e urinar, o que em geral pode ocorrer a cada dois ou quatro dias (Cassano, 2006; Superina et al., 2008).

2.1.2.2. Subordem Vermilingua

A subordem vermilingua é representado por duas familias: Cyclopedidae (tamanduaí) e Myrmecophagidae (tamanduás) (Gardner, 2005). São os únicos membros da superordem Xenarthra desprovidos de dentes, apresentando um focinho longo e cônico que acomoda uma língua vermiforme, responsável pela captura dos alimentos (Shaw e Carter, 1980; Cubas, 2014). Estes animais possuem cinco dedos nos membros, sendo que destes, três possuem grandes garras utilizadas tanto para a escavação de cupinzeiros/termiteiros, como para escalada, nos grupos de hábito arbóreo (Bloch, et al., 1976).

O tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) ocorre por todo o território nacional, mais predominantemente no Cerrado (Miranda et al., 2014). É o maior de todos os tamanduás e pode chegar a um peso de aproximadamente 40 kg, com hábitos exclusivamente terrestres (Miranda, et al., 2004; Rodrigues et al., 2008). Possui hábitos terrestres e apenas um período de atividade durante o dia, o qual juntamente com a escolha do habitat, variam de acordo com a temperatura do ambiente e estação. Em temperaturas de 17 a 27ºC há maior preferência por áreas de baixa cobertura vegetal (savanas e campos) e em frio ou calor extremo há preferência por áreas florestais. Ainda, em estações mais quentes, a atividade é mais noturna e no inverno é diurna (Alves e Mourão, 2006; Braga, 2010; Bertassoni, 2017). Tem pelagem densa que atua como isolante térmico, impedindo o ganho e a perda excessiva de calor. A longa cauda é utilizada para camuflagem, tanto que ao dormir a colocam sobre o corpo (Fernandes e Young, 2008).

Tamanduá-mirim (*Tamandua tetradactyla*) tem um comprimento de aproximadamente 77 cm (Nowak, 1999) e peso corporal de aproximadamente 7 kg (Wetzel, 1985), possui hábito diurno, crepuscular ou noturno, a depender do local. Seu habitat natural abrange savanas, florestas tropicais e espinheiras (Medri et al., 2011). Os tamanduás-mirins são encontrados ao leste dos Andes, no norte do Uruguai e Argentina e no Brasil (Superina et al., 2010; Medri et al., 2011). Essa espécie de

tamanduá possui hábitos preferencialmente arborícolas e descem ao solo somente para se alimentar, defecar e urinar (Rodrigues et al., 2008).

2.2. Agentes bacterianos transmitidos por vetores

2.2.1. Agentes Anaplasmataceae

A família Anaplasmataceae compreende alfa-proteobactérias Gram-negativas intracelulares obrigatórias da ordem Rickettsiales, formada pelos gêneros *Anaplasma, Ehrlichia, Neorickettsia e Wolbachia* (Dumler et al., 2001) e quatro supostos *Candidatus* (*Candidatus* Neoerhlichia, *Candidatus* Allocryptoplasma, *Candidatus* Xenohaliotis e *Candidatus* Xenolissoclinum) (Friedman et al., 2000; Tabara et al., 2007; Kwan e Schmidt, 2013; Eshoo et al., 2015; Nicholson, 2018; Ouass et al., 2023). Representantes do gênero *Ehrlichia* infectam principalmente leucócitos (monócitos, macrófagos, granulócitos) e células endoteliais de mamíferos, e glândulas salivares, epitélio intestinal e células hemolinfa de carrapatos (Groves et al., 1975; Cohn, 2003; Allsopp, 2010). O gênero *Anaplasma* engloba bactérias pleomórficas localizadas em vacúolos ligados à membrana (mórulas) dentro do citoplasma de eritrócitos, granulócitos, monócitos ou plaquetas, a depender da espécie (Atif, 2016; Dumler et al., 2001).

2.2.1.1. Ciclo de vida e transmissão

A manutenção dos agentes dos gêneros *Ehrlichia* e *Anaplasma* ocorre por meio da interação entre carrapatos vetores com os hospedeiros vertebrados no ecossistema. O ciclo de vida envolve vertebrados e carrapatos ixodídeos, sendo que em ambos ocorre a reprodução de bactérias (Rikihisa, 1991). Os hospedeiros vertebrados são considerados reservatórios dessas bactérias, podendo desenvolver infecções persistentes, e atuando como fontes de infecção para os carrapatos vetores (Kieser et al., 1990; Kocan et al., 1992; Villar et al ., 2016; Dumler et al., 2001; Parola et al., 2003).

Quando os carrapatos se alimentarem de um hospedeiro infectado, ingerem as bactérias. Estas, por sua vez, penetram no epitélio do intestino médio do invertebrado,

onde ocorre a primeira replicação. Em seguida, as bactérias migram para o epitélio das glândulas salivares do carrapato, onde passam pelo segundo ciclo de replicação. São então liberadas na secreção salivar e transmitidas a outro hospedeiro vertebrado durante o repasto sanguíneo do carrapato (Ueti et al., 2009; Rar e Golovljova, 2011). Alguns agentes podem ser mecanicamente transmitidos através de fômites contaminados, dípteros hematófagos e a transfusão sanguinea (Dikmans, 1950; Couto, 1998). Alguns estudos comprovaram que os carrapatos ixodídeos são capazes de transmitir *Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp. transestadialmente (de larvas para ninfas e de ninfas para adultos) (Macleod e Gordon, 1933; Rar e Golovljova, 2011).

Dumler et al. (2001) reorganizaram o gênero *Anaplasma* com base nas análises da sequência 16S rRNA e *groEL*, propondo a classificação compreendida em seis espécies: *A. bovis, A. centrale*, *A. marginale*, *A. ovis*, *A. phagocytophilum*, e *A. platys.* Atualmente, existem nove espécies formalmente reconhecidas que são transmitidas por vetores: *Anaplasma bovis, Anaplasma capra, Anaplasma caudatum, Anaplasma centrale, Anaplasma marginale, Anaplasma odocoilei, Anaplasma ovis, Anaplasma phagocytophilum e Anaplasma platys,* bem como diversas espécies candidatas e numerosas espécies não-classificadas (Vanstreels et al., 2018) (**Tabela 1**).

Anaplasma bovis

Anaplasma bovis foi descrito pela primeira vez em bovinos em 1936 e inicialmente denominado *Ehrlichia bovis.* Infecta monócitos e macrófagos teciduais (Donatien e Lestoquardm 1936; Dumler et al., 2001; Liu et al., 2012). Este agente está distribuído principalmente na África, Ásia e América do Sul, mas também foi descrito nos EUA e no sul da Europa (Uilenberg, 1993; Ceci et al., 2014; García-Pérez et al. , 2016; Battilani et al., 2017).

Anaplasma bovis tem como principais reservatórios bovinos (*Bos taurus*) e búfalo africanos (Ooshiro et al., 2008) e é transmitido por carrapatos *Rhipicephalus appendiculatus, Amblyomma variegatum, Hyalomma* spp., *Rhipicephalus sanguineus* e *Haemaphysalis* spp. (Nair et al., 2013; Battilani, 2017). A infecção por este agente também foi detectada em cervídeos (*Cervus elaphus, Cervus nippon, Mazama*

goazoubira, Blastocerus dichotomus e *Hydropotes inermis*) (Silveira et al., 2012; Lee et al., 2018), guaxinim (*Procyon lotor*) e cão-guaxinim (*Nyctereutes procyonoides*) (Sashika et al., 2001), cães (*Nyctereutes procyonoides*) (Kang et al., 2018), gato-leopardo (*Prionailurus bengalensis*) (Hwang et al. 2015) e musaranho (*Elephantulus myurus*) (Atif, 2016).

Anaplasma centrale

Anaplasma centrale foi descrito em 1911 por Sir Arnold Theiler, (Theiler, 1911; Potgieter e Van-Rensburg, 1987) e tem essa designação por formar inclusões na área central de eritrócitos. É uma espécie menos patogênico para ruminantes e tem sido utilizada como vacina viva em diferentes regiões geográficas do mundo (Kocan, 2010; Rar e GolovljovA, 2011; Kocan, 2015). Este patógeno está distribuído em regiões tropicais e subtropicais (Rar e Golovljova, 2011). É transmitido por *Rhipicephalus simus*, mas já foi detectado em *Amblyomma* sp. e *Haemaphysalis punctata*, sem comprovação da competência vetorial (Potgieter e Van-Rensburg, 1987; Palomar et al., 2015; Teshale et al., 2015).

Durante muito tempo, os bovinos foram considerados os únicos hospedeiros de *A. centrale*, mas nos últimos anos a infecção foi detectada em ovinos, veados sika, gnus pretos (*Connochaetes gnou),* gnus azuis (*Connochaetes taurinus*), antílopes (*Kobus ellipsipyrymnus*) e elandes (*Taurotragus oryx*) (Hosseini - Vasoukolaei et al., 2014; Wu et al., 2015; Khumalo et al., 2016).

Anaplasma marginale

Anaplasma marginale foi descrita pela primeira vez em Johannesburg, na África do sul por Sir Arnold Theiler, o qual encontrou inclusões localizadas na superfície dos eritrócitos ao examinar esfregaço de sangue de bovinos importados da Inglaterra (Theiler, 1910). Este organismo infecta principalmente bovinos, causando uma doença potencialmente fatal e com importante impacto econômico, mas já foi detectado em uma gama de ruminantes selvagens, incluindo búfalos africanos (*Syncerus caffer*), bisões americanos (*Bison bison),* veados-de-cauda-branca , veados-mula (*Odocoileus hemionus*), veados-de cauda-negra (*Odocoileus hemionus* culumbianus), antílope pronghorn (*Antelocapra americana*), cervo-do-

Pantanal (*Blastocerus dichotomus*), veado-catingueiro (*Mazama gouazoubira*), carneiro selvagem (*Ovis canadensis*) e girafa (*Giraffa camelopardalis*) (Machado et al., 2006; Kocan et al., 2010; Rar e Golovljova, 2011; Aubry e Geale, 2011; Silveira et al., 2012; Machado et al., 2016; Silaghi et al., 2017). É transmitido biologicamente por carrapatos dos gêneros *Dermacentor* em regiões temperadas e *Rhipicephalus* em regiões tropicais (Kocan et al., 2010; Rar e Golovljova, 2011; SILAGHI et al., 2017), mecanicamente por insetos hematófagos (*Stomoxys calcitrans, Haematobia irritans* e dípteros tabanomorphos), por fômites contaminados com sangue (Ewing, 1981; Kocan et al., 2010; Da Silva et al., 2013; Battilani et al., 2017) e transmissão transplacentária (Kocan et al., 2015).

A. marginale está amplamente distribuído em todo o mundo, especialmente em regiões tropicais e subtropicais. Sua ocorrência está em expansão, provavelmente devido ao transporte de gado de áreas endêmicas para áreas não-endêmicas, e ao aquecimento global que influencia o movimento das populações de vetores (Kocan et al., 2010).

Anaplasma ovis

Anaplasma ovis foi descrito pela primeira vez em ovelhas por Bevan em 1912 (Bevan, 1912). Além de ovinos, esta bactéria também foi detectada em caprinos e ruminantes selvagens como renas (*Rangifer tarandus*), veado-europeu (*Capreolus capreolus*) e camelos (*Camelus dromedarius*) (De La Fuente et al., 2008; Renneker et al., 2013; Ybañes et al., 2014; Li et al., 2015; Selmi et al., 2019). Uma variante de *A. ovis* foi detectada em um paciente humano, sugerindo um potencial zoonótico deste organismo (Chochlakis et al., 2010).

Este organismo está distribuído pelos continentes Africano, Asiático, Europeu e Estados Unidos de América (Renneker et al., 2013), sendo transmitido por carrapatos das espécies *Rhipicephalus bursa, Rhipicephalus turanicus, Rhipicephalus sanguineus, Dermacentor andersoni* e o díptero *Melophagus ovinus* (De La Fuente et al., 2008; Aktas et al., 2009; Belkahia et al., 2019; Cabezas-Cruz et al., 2019; Hosseini-Chegeni et al., 2020).

Anaplasma phagocytophilum

O protótipo de *A. phagocytophilum* foi descrito pela primeira vez em 1940, como o agente causador de uma doença desconhecida transmitida por carrapatos, diagnostica em 1932 em ovelhas na Escócia. A doença foi chamada de “febre transmitida por carrapatos” (Gordon et al., 1932; Gordon et al., 1940) e em 1974 esta bactéria foi incluída no gênero *Ehrlichia* como *Ehrlichia phagocytophila* (Philip, 1974). Posteriormente, bactérias semelhantes a *Ehrlichia* também foram detectadas em cavalos enfermos e em humanos, e foram inicialmente consideradas como espécies distintas, estritamente específicas do hospedeiro, respectivamente denominadas *Ehrlichia equi* e agente da erliquiose granulocítica humana (HGE) (Gribble, 1969; Chen et al., 1994). Somente em 2001, Dumler e colaboradores, a partir de análises moleculares dos genes 16S RNA ribossomal (16S rRNA), “heat shock operon” (*groE*L), e genes de proteínas de superfície, verificaram que essas bactérias compreendiam mesma espécie, unificando-as sob o táxon *Anaplasma phagocytophilum* (Dumler et al., 2001).

Este organismo infecta uma gama de hospedeiros vertebrados como carnívoros, ruminantes, roedores, aves, répteis e seres humanos (Stuen et al., 2013; Dugat et al, 2015; Kocan et al., 2015). Em humanos, *A. phagocytophilum* é responsável por causar uma zoonose emergente, conhecida como anaplasmose granulocítica humana (HGA), descrita pela primeira vez nos Estados Unidos em 1994 (Chen et al., 1994).

Anaplasma phagocytophilum está distribuída principalmente nos Estados Unidos, Europa e Ásia, mas já foi descrita na América do Sul e África (Bakken e Dumler, 2000; Stuen et al., 2013). É transmitida por carrapatos pertencentes ao gênero *Ixodes* : *I. ricinus* na Europa, *I. scapularis* no leste dos EUA, *I. pacificus* e *I. spinipalpis* no oeste dos EUA e *I. persulcatus* na Ásia e na Rússia (Des Vignes e Fish, 1997; Burkot et al., 2001; Woldehiwet, 2010). Também já foi detectado de DNA de *A. phagocytophilum* em outras espécies de carrapatos (*Dermacentor reticulatus*, *Dermacentor variabilis*, *Dermacentor occidentalis*, *Haemaphysalis concinna*, *Amblyomma americanum* e *Ixodes ventalloi*) mas sem comprovação de capacidade vetorial (Holden et al., 2003; Santos et al., 2004; Clark, 2012; Paulauskas et al., 2012; Tomanović et al., 2013). Foi relatada a

transmissão por exposição ao sangue e tecidos de animais infectados em humanos (Bakken et al., 1996).

Anaplasma platys

Anteriormente designado por *Ehrlichia platys, A. platys* foi descrito pela primeira vez infectando plaquetas de um cão na Flórida (Harvey et al., 1978). *Anaplasma platys* é conhecido como patógeno canino, mas já foi relatada em gatos, raposas (*Vulpes vulpes*), camelos bactrianos (*Camelus bactrianus*), veados-vermelhos (*Cervus elaphus*), veados sika , ruminantes domésticos, bubalinos e humanos (Harvey et al., 1978; Qurollo et al., 2014; Cardoso et al., 2015; Li et al., 2015; Dahmani et al., 2015; Machado et al., 2016; Fernandes et al., 2019; Alanazi et al., 2020; André et al., 2020). Embora *Rhipicephalus sanguineus* seja o principal vetor na transmissão do *Anaplasma platys* (Snellgrove et al., 2020), DNA do agente também já foi detectado em *Dermacentor auratus*, *Ixodes persulcatus, Haemaphysalis longicornis* , *Rhipicephalus turanicus* e em piolho mastigador de cães *Heterodoxus spiniger* (Simpson et al., 1991; Parola et al., 2003; Brown et al., 2005; Kim et al., 2006; Harrus et al., 2010). Foi descrita a transmissão de *A. platys* através da inoculação de sangue infectado (Harvey et al., 1978). E Snellgrove et al. (2020) comprovaram a transmissão transestadial e transovariana deste organismo em *R. sanguineus* sensu stricto nos EUA.

Anaplasma capra

A. capra foi primeiramente detectada em cabras na China (Zhou et al., 2010) e incriminado como um novo patógeno zoonótico do gênero *Anaplasma* transmitido por carrapatos, após seu isolamento a partir de sangue humano (Li et al., 2015). Este agente, foi também descrito em ovelhas (Peng et al., 2018; Shi et al., 2020), bovinos (Seo et al., 2018), cervídeos (Amer et al., 2019; Jouglin et al., 2019), cães (SHI et al., 2019) e ruminantes selvagens (Yang et al., 2018). *Anaplasma capra* foi detectado em carrapatos da espécie *Ixodes persulcatus, Haemaphysalis longicornis, Haemaphysalis qinghaiensis, R. microplus,* mas sem comprovação de capacidade vetorial (Li et al., 2015; Sun et al., 2015; Yang et al., 2016; Guo et al., 2019).

Anaplasma odocoilei

Anaplasma odocoilei é a mais recente bactéria descrita dentro do genero *Anaplasma*, sendo descrito pela primeira vez em 2013, infectando plaquetas de cervídeos (Tate et al., 2013). Ainda, foi detectado em cervos-da-cauda-branca (*O. virginianus yucatanensis*) no México (Ojeda-Chi et al., 2019). Embora tenha sido detectado em *Amblyomma americanum*, não há comprovação da capacidade vetorial desta espécie para o agente em questão (Trout et al., 2017).

Poucos são os estudos acerca da ocorrência e diversidade genética de *Anaplasma* spp. em tatus e tamanduás. Guillemi et al. (2016) investigaram a presença de DNA de *A. marginale* por meio de nested PCR baseada no gene *msp5* em uma amostra de sangue de uma fêmea de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) que estava num centro de reabilitação na província de Corrientes, Argentina. A caracterização molecular baseada no gene *msp1α* mostrou a presença de duas repetições (13 e 27) que, embora previamente encontradas em outros genótipos de *A. marginale*, não foram relatadas nesta combinação, resultando em um novo genótipo MSP1a. No entanto, embora diferente, o genótipo encontrado agrupou-se com aqueles previamente detectados em bovinos, sugerindo que a transmissão do novo isolado de *A. marginale* de bovinos para hospedeiros acidentais poderia ter ocorrido por meio de um isolado mais facilmente transmitido por carrapatos ou pelo surgimento de uma variante com melhor aptidão para infectar maior amplitude de hospedeiros.

Calchi et a. (2020a) investigaram a ocorrência e diversidade genética de *Anaplasma* spp. em amostras de sangue e baço de Xenarthra de vida livre de quatro diferentes estados do Brasil (São Paulo, Mato Grosso do Sul, Rondônia e Pará). Positividade de 27,6% (91/330) foi encontrada na nested PCR para *Anaplasma* spp. baseada no gene 16S rRNA. Dentre as espécies de animais positivas, encontravam-se bichos-preguiça (*Bradypus variegatus* 65/188, *Bradypus* sp. 2/3, *Choloepus didactylus* 2/5 *e Choloepus* sp. 13/31), tamanduás (*Tamandua tetradactyla* 5/31) e tatus (*Cabassous unicinctus* 2/3, *Dasypus novemcinctus* 1/8 e *Euphractus sexcinctus* 1/8). Das 91 amostras positivas para *Anaplasma* spp., 56,04% foram positivas em um ensaio de PCR convencional visando a região intergênica 23S-5S. Análises

filogenéticas e de distância baseadas no gene *rrs* alocaram sequências de *Anaplasma* de preguiças em um único clado, que estava intimamente relacionado aos clados contendo *A. marginale*, *A. ovis* e *A. capra* encontrados em ruminantes. Por outro lado, as sequências *rrs* detectadas em tamanduás-bandeira foram posicionadas em um clado intimamente relacionado às sequências de *Anaplasma* spp. detectadas previamente em *Nasua nasua*, *Leopardus pardalis* e *Cerdocyon thous* no Brasil e posicionadas próximas às sequências *de A. odocoilei*. As análises filogenéticas baseadas na região intergênica 23S-5S demonstraram dois genótipos distintos de *Anaplasma*: um intimamente relacionado com *A. marginale*, *A. ovis* e *A. capra* e o outro posicionado proximamente a *A. phagocytophilum* detectado em ovino da Noruega. Os autores propuseram a ocorrência de dois novos '*Candidatus* Anaplasma spp': '*Candidatus* Anaplasma amazonensis', detectado em *Choloepus* sp. *e Bradypus variegatus* amostrados nos estados de Rondônia e Pará e '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis', detectado em *Tamandua tetradactyla* amostrado no estado de São Paulo.

Mais recentemente, Buysse et al. (2024) detectaram *Anaplasma* spp. em amostras de sangue e baço de tatus-galinha (*Dasypus novemcinctus*) do bioma Amazônico da Guiana Francesa, por meio de ensaios de PCR baseados no gene 16S rRNA (*rrs*).

O gênero *Ehrlichia* compreende seis espécies (*Ehrlichia canis, Ehrlichia chaffeensis, Ehrlichia ewingii, Ehrlichia muris, Ehrlichia minasensis,* e *Ehrlichia ruminantium)* (Dummler et al. 2001; Aguiar et al., 2019), e diversos outros Candidatus, tais como '*Candidatus* Ehrlichia dumleri' (Perles et al., 2022) e '*Candidatus* Ehrlichia pampeana' (Félix et al., 2021; Flores et al., 2023) (**Tabela 1**).

Ehrlichia canis

Ehrlichia canis trata-se do agente causador da erliquiose monocítica canina (CME) (Rikihisa, 1991), uma doença de cães transmitida por carrapatos *R. sanguineus* sensu lato (linhagem tropical – atualmente nomeada como *Rhipicephalus linnaei* (Šlapeta et al., 2021) e *Dermacentor variabilis* (Groves et al., 1975; Johnson et al., 1998; Moraes-Filho et al., 2015). Este patógeno foi descrito pela primeira vez na Argélia, em 1935, por Donatien e Lestoquard, que observaram inclusões

intracitoplasmáticas em células mononucleares de cães infestados por carrapatos. A doença agora está distribuída em todo o mundo e foi especialmente notado durante a Guerra do Vietnã, quando centenas de cães militares dos EUA morreram de infecção por *E. canis* (Rikihisa, 1991).

Canídeos selvagens e domésticos são considerados reservatórios naturais de *E. canis* (Groves et al., 1975). Já foi detectada em seres humanos, associados com sintomatologia clínica, bem como em pessoas assintomáticas doadoras de sangue, comprovando a sua capacidade zoonótica (Dawson et al., 1991; Perez et al., 2006; Bolsa-Mora et al., 2017).

Ehrlichia chaffeensis

Ehrlichia chaffeensis é responsável por causar uma zoonose conhecida por erliquiose monocítica humana (HME) e foi reportado pela primeira vez 1986, por um médico estagiário que observou inclusões intracitoplasmáticas peculiares em vários monócitos de esfregaço de sangue de um paciente que tinha sido picado com carrapatos numa área rural no norte do Arkansas, nos EUA (Anderson et al., 1991; Dawson et al., 1991).

Este agente, infecta igualmente uma variedade de hospedeiros, desde animais domésticos e selvagens, como cães, bovinos, cabras, raposas (*Vulpes vulpes*), coiotes (*Canis latrans*), cervos-sika-do-suldo-Japão (*Cervus nippon*) e roedores (Wen et al., 2003; Kim et al., 2006; De Los Santos et al., 2007; Lee et al., 2009; Doudier et al., 2010; André, 2018).

O principal vetor deste organismo é *Amblyomma americanum* nos Estados Unidos (Rar e Golovljova, 2011). Embora já tenha sido molecularmente detectado em *Dermacentor variabilis, I. pacificus, H. longicornis, I. persulcatus, R. sanguineus, A. testudinarum, Haemaphysalis yeni,* e *A. parvum* (Cao et al., 2000; Kim et al., 2003; Walker et al., 2004; Lee et al., 2005; Tomassone et al., 2008; Ndip et al., 2010; Rar e Golovljova, 2011), não existem estudos acerca da capacidade vetorial destes artrópodes na transmissão do referido agente.

Ehrlichia ewingii

Ehrlichia ewingii foi descrita pela primeira vez em um cão infectado em 1971 (Ewing et al., 1971) e trabalhos subsequentes demonstraram seu potencial zoonótico (Buller et al., 1999). Tanto veados-de-cauda-branca (*O. virginianus*) quanto cães são considerados reservatórios para o agente, o qual é transmitido através da picada do carrapato *Amblyomma americanum* (Anizani et al., 1990; Anderson et al., 1992). Este patógeno, já foi detectada em cabras (Yabsley et al., 2002; Thomas et al., 2009; Biggs et al., 2016), carrapatos *R. sanguineus* em Camarões (Ndip et al., 2007), em roedores e carrapatos da espécie *H. longicornis* na Coréia (Kim et al., 2006; Matsumoto et al., 2011). *Ehrlichia ewingii* em cães causa uma enfermidade chamada Erliquiose Granulocítica Canina (Anderson et al., 1992) e em humanos é responsável por causar uma zoonose denominada Erliquiose Granulocítica Humana (HGE) (Buller et al., 1999; Pritt et al., 2011).

Ehrlichia muris

O primeiro relato de *E. muris* foi feito no Japão em 1983, sendo o agente isolado em um roedor selvagem (*Eothnomys kageus*). Em 2009, uma nova amostra com potencial zoonótico (*E. muris* –like, atualmente denominada *E. muris* subsp. euaclairensis) foi detectada em humanos nos EUA, (Pritt et al., 2017; Xu et al., 2018). É trasmitido por *Haemaphysalis flava, I. persulcatus* e *I. ricinus* (Pritt et al., 2017).

Ehrlichia minasensis

O primeiro relato da ocorrência de *E. minasensis* foi reportado em 2016 em Minas Gerais, Brazil, sendo este agente isolado a partir de carrapatos *R. microplus* encontrados em bovinos (Cabezas-Cruz et al., 2016). O referido agente já foi detectado em cervídeos (Gajadhar et al., 2010; LOBANOV et al., 2012), bovinos (De Aguiar et al., 2019; Hailemariam et al., 2017; André et al., 2020), carrapatos *R. microplus, R. sanguineus* (Cabezas-Cruz et al., 2016; Carvalho et al., 2016; Cicculli et al., 2019), *Hyalomma* spp. (Cicculli et al., 2019; Rehman et al., 2019) e *Haemaphysalis hystricis* (Li et al., 2019).

Ehrlichia ruminantium

Ehrlichia ruminantium foi descrita pela primeira vez em 1925, causa a doença conhecida como *heartwater* ou *cowdriosis* em bovinos, ovinos, caprinos e alguns ruminantes selvagens (Cowdry, 2005; Allsopp, 2010). Este agente ocorre na África Sub-Saariana e nas ilhas francesas de Guadalupe, Antígua e Marie Galante, no Caribe, sendo transmitida por carrapatos do gênero *Amblyomma*, principalmente *A. variegatum* e *A. hebraeum* (Mailard e Maillard, 1998). *Ehrlichia ruminantium* já foi detectada em cães sintomáticos e em humanos que vieram a óbito por decorrência da doença, o que demonstra seu potencial zoonótico (Allsopp e Allsopp, 2001; Louw et al., 2005; Allsopp, 2015).

No Brasil, uma preguiça-de-três-dedos (*Bradypus tridactylus*) que tinha sido atropelada no estado do Pará mostrou-se positiva no ensaio de nested PCR baseado no gene *dsb* para *Ehrlichia* spp*.* Na análise filogenética inferida a partir de sequências parciais do gene *dsb*, o genótipo dectado na preguiça posicionou-se separadamente de genótipos de *Ehrlichia* spp. previamente detectados em onça-pintada (*Panthera onca*) e equinos (*Equus caballus*) do Brasil, sugerindo a ocorrência de uma espécie distinta (Soares et al., 2017).

Calchi et a. (2020a) investigaram a ocorrência e diversidade genética de *Ehrlichia* spp. em amostras de sangue e baço de Xenarthra de vida livre de quatro diferentes estados do Brasil (São Paulo, Mato Grosso do Sul, Rondônia e Pará). Por outro lado, positividade de 24,5% (81/330) foi encontrada na PCR para *Ehrlichia* spp. baseada no gene *dsb* em bichos-preguiça (*Bradypus variegatus* 56/188, *Bradypus* sp. 2/3, *Choloepus didactylus* 1/5, *Choloepus* sp*.* 5/31) e tamanduás (*Tamandua tetradactyla* 10/31 *e Myrmecophaga tridactyla* 7/52)*.* As análises filogenéticas baseadas no gene *dsb* posicionaram as sequências de *Ehrlichia* spp. em dois clados: aquelas detectadas em *Dasypus novemcinctus, Myrmecophaga tridactyla, Tamandua tetradactyla e Bradypus variegatus* dos estados de São Paulo, Mato Grosso do Sul e Pará foram agrupadas com *E. canis*; por outro lado, sequências detectadas em *Tamandua tetradactyla, Choloepus didactylus e Bradypus variegatus* dos estados de Rondônia e Pará agruparam-se com *E. minasensis.*

Mais recentemente, Buysse et al. (2024), detectaram *Ehrlichia* spp. em amostras de sangue e baço tatus-galinha (***Dasypus novemcinctus***) do bioma Amazônico da Guiana Francesa, por meio de amplificações de PCR independentes usando primers específicos para espécies de 16S rRNA (*rrs*).

Tabela 1. Espécies de *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. e respectivos hospedeiros vertebrados e vetores.

ESPÉCIE	HOSPEDEIRO	VETOR	REFERÊNCIA
Anaplasma bovis	Bovinos, Búfalos	*Rhipicephalus appendiculatus, R. sanguineus, Amblyomma variegatum*	Ooshiro et al., 2008; Battilani, 2017
Anaplasma capra	Ruminantes	-	(Zhou et al., 2010; Seo et al., 2018
Anaplasma centrale	Ruminantes	*Rhipicephalus simus*	Palomar et al., 2015; Teshale et al., 2015; Khumalo et al., 2016
Anaplasma marginale	Ruminantes	*Dermacentor reticulatus Rhipicephalus (Boophilus) microplus*	Machado et al., 2016; Kocan et al., 2010; Silaghi et al., 2017
Anaplasma odocoilei	Cervídeos	-	Tate et al., 2013
Anaplasma ovis	Ovinos, caprinos, ruminantes selvagenms	*Rhipicephalus bursa, R. turanicus, R. sanguineus, Dermacentor andersoni* e o díptero *Melophagus ovinus*	Bevan, 1912; Li et al., 2015; Selmi et al., 2019
Anaplasma phagocytophilum	Humano, ruminantes carnivoro, aves	*Ixodes ricinus, I. scapularis, I. pacificus, I. spinipalpis* e *I. persulcatus*	Stuen et al., 2013; Dugat et al, 2015; Kocan et al., 2015
Anaplasma platys	Candes, felinos, ruminantes, humanos	*Rhipicephalus sanguineus*	Li et al., 2015; Machado et al., 2016; Fernandes et al., 2019; Alanazi et al., 2020; André et al., 2020

'Candidatus Anaplasma sphenisci*'*	Pinguins	-	Vanstreels et al., 2018
'*Candidatus* Anaplasma amazonensis',	Tatu	-	Calchi et a., 2020a
'*Candidatus* Anaplasma brasiliensis',	Tamandua	-	Calchi et a., 2020a
Ehrlichia canis	Canideos humanos	*Rhipicephalus linnaei, Dermacentor variabilis*	Rikihisa, 1991; Groves et al., 1975; Perez et al., 2006
Ehrlichia chaffeensis	Humanos, bovinos, caprinos	*Amblyomma americanum*	Anderson et al., 1991; Lee et al., 2009; Doudier et al., 2010; André, 2018
Ehrlichia ewingii	Cães, humanos	*Amblyomma americanum*	Ewing et al., 1971; Buller et al., 1999).
Ehrlichia muris	Roedores, humanos	*Haemaphysalis flava, I. persulcatus e I. ricinus*	Pritt et al., 2017; Xu et al., 2018
Ehrlichia minasensis	Bovinos, cervideos	*Rhipicephalus. microplus, R. sanguineus*	Lobanov et al., 2012; (De Aguiar et al., 2019
Ehrlichia ruminantium	Ruminantes, humanos	*Amblyomma variegatum, A. hebraeum*	Cowdry, 2005; Allsopp, 2010
'Candidatus Ehrlichia dumleri*'*	Quatis	-	Perles et al., 2022
'Candidatus Ehrlichia pampeana'	Cervídeos	-	Félix et al., 2021

Fonte: Autor

2.2.2. *Bartonella* spp.

O gênero *Bartonella* spp. engloba cocobacilos Gram-negativos intracelulares facultativos, aeróbios, que parasitam principalmente eritrócitos e células endoteliais (Birtles, 1995; Okaro et al., 2017). Pertencente ao subgrupo alpha-2 da classe Proteobacteria, ordem Hyphomicrobiales, família Bartonellaceae (Brenner et al., 1993; Rolain et al., 2004).

O gênero foi assim nomeado em homenagem ao microbiologista peruano Dr. Alberto Leonardo Barton Thompson, o qual em 1905 investigou pacientes que apresentavam febre e anemia grave após uma viagem a La Oroya, no Peru. Tal estudo levou à identificação da bactéria *Bartonella bacilliformis*, agente etiológico da Febre de Oroya (fase aguda, caracterizada por bacteremia que cursa com anemia hemolítica fatal) e verruga peruana (fase crônica, com a presença de tumores vasculares) (Gomes e Ruiz, 2017).

Atualmente o gênero *Bartonella* possui mais de 50 espécies e 6 subespécies (**Tabela 2**) e ainda espécies a serem definidas sendo classificadas como "*Candidatus*". Isolados de *Bartonella* spp. têm sido descritos em uma grande variedade de animais terrestres, marinhos e voadores, sendo que a maioria desses reservatórios não apresenta sintomatologia ou doença grave (Okaro et al., 2017) e roedores, morcegos, felídeos e canídeos são considerados os principais reservatórios (Staggemeier et al., 2010; Krügel et al., 2022).

Essas bactérias conseguem inibir a apoptose de células endoteliais colonizadas, alterando componentes da membrana externa. Permanecem nos eritrócitos sem causar a hemólise da célula, favorecendo sua permanência no organismo do hospedeiro por meio de uma estratégia silenciosa, sem ser detectada pela resposta imune, e sua relativa baixa susceptibilidade a tratamentos instituídos (Pitassi et al., 2015; Diniz et al., 2016).

Segundo Breitschwerdt e Kordick (2000), a manifestação da bacteremia está relacionada à relação hospedeiro espécie-específico para determinada espécie de *Bartonella*, conforme descrito em canídeos infectados experimentalmente por *B. henselae*. Para Kitchell et al. (2000), os sinais clínicos em canídeos e seres humanos infectados por *Bartonella* spp. apresentam semelhanças, pois em ambos se observaram endocardite multifocal, linfadenite granulomatosa, rinite granulomatosa e hepatite. Felinos experimentalmente infectados geralmente não apresentam sintomatologia (Breitschwerdt e Kordick, 2000).

A principal forma de transmissão destes agentes ocorre por vetores artrópodes, tais como flebotomíneos (*Lutzomyia verrucarum, Lutzomyia peruensis*) para *Bartonella bacilliformis*, piolhos (*Pediculus humanus corporis*) para *Bartonella*

quintana, pulgas (*Ctenocephalides felis*) e carrapatos (*Ixodes ricinus*) para *Bartonella henselae* (Chomel et al.,1996;

Tabela 2. Espécies e subespécies de *Bartonella* spp. com seus respectivos hospedeiros vertebrados e potenciais vetores.

ESPÉCIE	HOSPEDEIRO	VETOR	REFERÊNCIA
Bartonella bacilliformis	Humano	*Lutzomyia verrucarum, Lutzomyia peruensis*	Strong et al., 1913
Bartonella quintana	Humano	*Pediculus humanus corporis*	Schmincke, 1917
Bartonella rochalimae	Canídeos, guaxinins, raposa vermelha, ratos, humano	-	Eremeeva et al., 201 2
Bartonella henselae	Gato, humano, cão	*Ctenocephalides felis*	Regnery et al., 1992
Bartonella clarridgeiae	Gato, cão	*Ctenocephalides felis*	Lawson e Collins 1996
Bartonella elizabethae	Ratos, gatos, cães	*Ctenocephalides felis*	Daly et al., 1993
Bartonella arupensis	Camundongos	*Ixodes ricinus*	Welch et al., 2000
Bartonella vinsonii subsp. berkoffii	Cães	-	Breitschwerdt et al., 1995
Bartonella vinsonii	Camundongos	*Ixodes ricinus*	Weiss e Dasch 1982
Bartonella vinsonii subsp. *yucatane*nsis	Roedores	-	Chulte Fischedick et al., 2016
Bartonella koehlerae	Gatos	*Ctenocephalides felis*	Droz et al., 2000
Bartonella koehlerae subsp. *bothieri*	Leões e guepardos	*Ctenocephalides felis*	Chomel et al., 2016
Bartonella koehlerae subsp. *boulouisii*	Leões e linces	*Ctenocephalides felis*	Chomel et al., 2016
Bartonella acomydis	Roedores	-	Sato et al., 2013
Bartonella alsatica	Coelho	-	Heller et al., 1999
Bartonella ancashensis	Humano	-	Mullins et al., 2015
Bartonella apis	Abelhas	-	Kešnerová et al., 2016
Bartonella australis	Canguru	-	Fournier et al., 2007
Bartonella birtlesii	Roedores, musaranhos	-	Bermond et al., 2000
Bartonella bovis	Bovinos, alce	-	Bermond et al., 2002

Bartonella callosciuri	Roedores	-	Sato et al., 2013
Bartonella capreoli	Cervídeos	-	Bermond et al., 2002
Bartonella chomelii	Bovinos	-	Maillard et al., 2004
Bartonella coopersplainsensis	Roedores	-	Gundi et al., 2009
Bartonella doshiae	Roedores	-	Birtles et al., 1995
Bartonella dromedarii	Dromedário	-	Rasis et al., 2014
Bartonella florenciae	Musaranho	-	Mediannikov et al., 2014
Bartonella fuyuanensis	Roedores	-	Li et al., 2016
Bartonella gabonensis	Roedor	-	Mangombi et al., 2020
Bartonella grahamii	Roedor	-	Birtles et al., 1995
Bartonella heixiaziensis	Roedores	-	Li et al., 2016
Bartonella jaculi	Roedores	-	Sato et al., 2013
Bartonella japonica	Roedores	-	Inoue et al., 2010
Bartonella kosoyi	Roedor	-	Gutiérrez et al., 2020
Bartonella krasnovii	Roedor	-	Gutiérrez et al., 2020
Bartonella massiliensis	Roedores	*Ornithodoros sonrai*	Mediannikov et al., 2014
Bartonella mastomydis	Roedores	-	Dahmani et al., 2018
Bartonella muris	Roedores	-	Mayer, 1921
Bartonella pachyuromydis	Roedores	-	Sato et al., 2013
Bartonella peromysci	Roedores	-	Birtles et al., 1995
Bartonella phoceensis	Roedores	-	Gundi et al., 2004
Bartonella queenslandensis	Roedores	-	Gundi et al., 2009
Bartonella rattaustraliani	Rato	-	Gundi et al., 2009
Bartonella rattimassiliensis	Rato	-	Gundi et al., 2004
Bartonella refiksaydamii	Musaranho	-	Celebi et al., 2022
Bartonella saheliensis	Roedor	-	Dahmana et al., 2020
Bartonella schoenbuchensis	Bovinos, alce, corça, veado	-	Dehio et al., 2001
Bartonella senegalensis	Roedores	-	Mediannikov et al., 2014
Bartonella sylvatica	Roedores	-	Inoue et al., 2010
Bartonella talpae	Roedores	-	Birtles et al., 1995
Bartonella tamiae	Roedores	-	Kosoy et al., 2008
Bartonella taylorii	Roedor	-	Birtles et al., 1995
Bartonella tribocorum	Rato	-	Heller et al. 1998
Bartonella weissii	Gato, bovino	-	Breitschwerdt et al., 2001
Bartonella rousetii	Morcegos	-	Bai et al., 2018.
Bartonella machadoae	Roedores	-	Do Amaral et al., 2022[a]

Bartonella harrusi	Marsupiais	-	Do Amaral et al., 2022b
'*Candidatus* Bartonella washoensis subesp. brasiliensis'	Tatus e tamanduás	-	Calchi et al., 2020b

Fonte: Autor

Artrópodes vetores como flebotomíneos (*Lutzomyia verrucarum*, *Lutzomyia peruensis*), piolhos (*Pediculus humanus corporis*), pulgas (*Ctenocephalides felis*), carrapatos (*Ixodes ricinus*) estão envolvidos na transmissão de diferentes espécies de *Bartonella* aos animais (Diniz et al., 2016; Staggemeier et al., 2010). A transmissão de *Bartonella henselae* ao homem ocorre por mordedura, arranhadura ou lambedura de gatos infectados, transfusão de sangue e transplante de órgãos (Lamas et al., 2008; Maggi et al., 2021).

São várias as espécies de *Bartonella* que foram detectadas em humanos, mostrando o potencial zoonótico deste grupo de agentes: *B. henselae* (Doença da Arranhadura do Gato) (Regnery et al., 1992); *B. quintana* (Febre das Trincheiras) (Leibler et al., 2016); *B. bacilliformis* (Febre de Oroya/Verruga Peruana) (Huarcaya et al., 2004); *B. clarridgeiae* (Margileth e Baehren, 1998); *B. koehlerae (*Avidor et al., 2004); *B. berkhoffii* (Roux et al., 2000); *B. alsatica (*Raoult et al., 2006); *B. ancashensis (*Mullins et al., 2015); *B. elizabethae* (Colton et al., 2012); *B. grahamii* (Kerkhoff et al., 1999); *B. mayotimonensis* (Lin et al., 2010); *B. rochalimae* (Eremeeva et al., 2007); *B. tamiae* (Kabeya et al., 2010)*; B. arupensis* (FENOLLAR et al. 2005); *B. rochalimae* (Eremeeva et al. 2007) e *B. rousetii* (Bai et al., 2018).

Diversos estudos no Brasil confirmaram a ocorrência de diferentes espécies/genótipos de *Bartonella* spp. em carnívoros selvagens (Guimarães et al., 2009; Filoni et al., 2012; Fleischman et al., 2014; Fontalvo et al., 2017 ;), roedores (Favacho et al., 2015; Gonçalves et al., 2016; De Sousa et al., 2018; Do Amaral et al., 2022a), morcegos (André et al., 2019; Ferreira et al., 2018; Ikeda et al., 2017; 2020) e marsupiais (Do Amaral et al., 2022b).

Em mamíferos da Superordem Xenarthra, Calchi et al. (2020b) investigaram a ocorrência e diversidade genética de *Bartonella* spp. em amostras de sangue e baço de mamíferos Xenarthra de vida livre nos estados de São Paulo (SP), Mato Grosso do Sul (MS), Rondônia (RO) e Pará (PA), por meio de uma PCR quantitativa em tempo real (qPCR) baseada no gene *nuoG*. Como resultado, 1,5% (5/330) das amostras

biológicas mostraram-se positivas, as quais pertenciam a 4/8 tatus-galinhas *(Euphractus sexcinctus)* do estado de Mato Grosso do Sul e 1/7 tamanduá-mirim *(Tamandua tetradactyla)* do estado de Pará. Para caracterização molecular, as amostras positivas foram submetidas a ensaios convencionais de PCR (cPCR) baseados em cinco genes: 5 (100%) positivas para o gene *ftsZ*, 2 (40%) para o gene *gltA*, 2 (40%) para o gene *rpoB* e 3 (60%) para o gene *pap-31*. A árvore filogenética baseada no gene *ftsZ* posicionou as cinco sequências obtidas de tatus e tamanduá em um clado distinto, embora relacionado a *Bartonella* sp. detectada em *Martes melampus* no Japão e *B. washoensis*. A mesma topologia foi observada na análise filogenética baseada no gene *gltA*, na qual duas sequências *de Bartonella* obtidas de tatus foram alocadas próximas a *B. washoensis*. A única sequência *rpoB* obtida de um tatu mostrou-se filogeneticamente próxima à *Bartonella* sp. detectada em *Jaculus orientalis* no Japão, alocando-se dentro de um clado maior contendo *B. washoensis* e *Bartonella* sp. detectado em *M. melampus.* Com base nos resultados obtidos nas análises filogenéticas, de distância e de genótipos, os autores propuseram um novo Candidatus a *Bartonella*, denominado '*Candidatus* Bartonella washoensis subesp. brasiliensis' detectado em *Euphractus sexcinctus* e *Tamandua tetradactyla*.

2.2.3. Hemoplasmas (Micoplasmas hemotrópicos)

As bactérias do gênero *Mycoplasma* pertencem à classe Mollicutes (*mollis*, mole; cutis, *pele*, em Latim), ordem Mycoplasmatales, família Mycoplasmataceae (Walker, 2003; Vidal, 2013). O gênero *Mycoplasma* é separado em dois grupos com base nas características filogenéticas e propriedades biológicas: grupo pneumoniae (micoplasmas de mucosa) e grupo dos hemoplasmas (micoplasmas hemotrópicos) (Tully et al., 1993). Possuem um tamanho diminuto, ausência de parede celular, e são considerados os menores organismos auto-replicáveis conhecidos, tendo um genoma que varia de 580 kb (*Mycoplasma genitalium*) até 1.358 kb (*Mycoplasma penetrans*) (Fraser et al., 1995; Sasaki et al., 2002), com baixo conteúdo de guanina+citosina.

O primeiro hemoplasma identificado foi detectado na África do Sul e considerado petencente ao gênero *Eperithrozoon*. Anos depois, nos Estados Unidos, foi identificado organismo similar que causava anemia infecciosa em gatos, que foi designado como petencente ao gênero *Haemobartonella* (Macieira et al., 2008; Sykes, 2010). Posteriormente, com auxílio de ferramentas moleculares aplicadas sobre a sequência do gene 16S rRNA, os gêneros *Haemobartonella* e *Eperithrozoon* foram reclassificados e passaram a pertencer ao gênero *Mycoplasma* (Biondo et al., 2009; Messick, 2004; Neimark et al., 2001).

Diversas espécies de hemoplasmas vêm sendo identificadas e infectam uma ampla variedade de hospedeiros mamíferos (**Tabela 3**). Algumas espécies recebem status taxonômico "*Candidatus*" à sua nomenclatura por não terem sido cultivadas *in vitro* e terem uma caracterização incompleta. Tais dificuldades de caracterização se devem principalmente à estrita dependência dessas bactérias pelos glóbulos vermelhos e fatores de crescimento do hospedeiro, sendo a maioria deles desconhecidos (Messick, 2004; Volokhov et al., 2012; Citti e Blanchard, 2013; Guimarães et al., 2014; Oren et al., 2020).

Tabela 3. Espécies de hemoplasmas e respectivos hospedeiros vertebrados.

HOSPEDEIRO	**HEMOPLASMA**	**REFERÊNCIA**
Alpaca e lhama	'*Candidatus* Mycoplasma haemolamae'	McLaughlin et al., 1990, Messick et al., 2002
Bovinos	*Mycoplasma wenyonni*, '*Candidatus* Mycoplasma haemobos'	Meli et al., 2010; Anziani et al., 1982; Uilenberg, 1967
Camundongo e ratos	*Mycoplasma coccoides, Mycoplasma haemomuris*	Bidwell e Voller, 1967; Bartlett e Pease, 1975
Canídeos	*Mycoplasma haemocanis* e '*Candidatus* Mycoplasma haematoparvum'	Roura et al., 2010
Capivaras	*'Candidatus* Mycoplasma haematohydrochoerus*'*	Vieira et al., 2021
Caprinos e ovinos	*Mycoplasma ovis*	Neimark et al., 2004; Mason et al., 1989
Cervídeos	*Mycoplasma ovis*, '*Candidatus* Mycoplasma erythrocervae', '*Candidatus* Mycoplasma haemocervae'	Stoffregen et al., 2006; Watanabe et al., 2010
Felídeos	*Mycoplasma haemofelis*, '*Candidatus* Mycoplasma haemominutum', *Candidatus* Mycoplasma turicensis'	Willi et al., 2007; Santos et al., 2009

Gambás	'*Candidatus* Mycoplasma haemoalbiventris'	Pontarolo, et al., 2021
Leão Marinho	'*Candidatus* Mycoplasma haemozalophi'	Volokhov et al., 2011
Macaco	'*Candidatus* Mycoplasma kahanei'	Neimark et al., 2002
Suinos	*Mycoplasma suis*, *M. parvum*	Yuan et al., 2009; Hoelzle et al., 2010;
Tatu-canastra	*'Candidatus* Mycoplasma haematomaximus'	De Oliveira et al. 2021
Preguiça-de-bentinho	*'Candidatus* Mycoplasma haematotridactylus'*)*	De Oliveira et al., 2021
Tamanduá-mirim	*'Candidatus* Mycoplasma haematotetradactyla"	De Oliveira et al., 2021
Anta	*Candidatus* Mycoplasma haematoterrestris' e ' *Candidatus* Mycoplasma haematotapirus'	Mongruel et al., 2022

Fonte: Autor

Tais agentes podem ser potencialmente transmitidos através da picada de vetores hematófagos, tais como como carrapatos. DNA de '*Candidatus* Mycoplasma haemominutum' e '*Candidatus* Mycoplasma turicensis' foi detectado em *Rhipicephalus sanguineus* coletados em leões (*Panthera leo*) da cratera de Ngorongoro, Tanzânia (Fyumagwa et. al, 2008); DNA de 'Candidatus Mycoplasma haemominutum' em *Ixodes ovatus* coletados da vegetação em Japão (Taroura et. al, 2005). Hornok et al. (2019) identificaram a presença de DNA de hemoplasmas em carrapatos (*Ixodes simplex*) coletados de morcegos na Hungria. Gonçalves et al. (2020) detectaram DNA de hemoplasmas em *Amblyomma* sp. coletados em roedores sinantrópicos (*Rattus rattus)* capivaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*) no estado de Mato Grosso de Sul, Brasil. Vieira et al. (2021) detectaram DNA de '*Candidatus* Mycoplasma haematohydrochoerus' na glândula salivar de *Amblyomma dubitatum* coletados de capivaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*), Brasil. Embora sem comprovação da capacidade vetorial (WOODS et al., 2006), DNA de *Mycoplasma haemofelis* e 'Candidatus Mycoplasma haemominutum' foi detectado em pulgas *Ctenocephalides felis* Coletadas de gatos experimentalmente infectados (Woods et al., 2005). Os piolhos das espécies *Polyplax serrata* e *Polyplax spinulosa* são incriminados na transmissão de *Mycoplasma coccoides* (Berkenkamp e Wescott, 1988) entre camundongos infestados e não einfestados. Gonçalves et al. (2020) detectaram DNA

de hemoplasmas em piolhos (*Polyplax spinulosa*) de roedores no Brasil. Moscas *Stomoxys calcitrans* e o mosquito *Aedes aegypti* (Prullage et al., 1993) e o piolho *Haematopinus suis* são incriminados como possíveis vetores de *Mycoplasma suis* (Heinritzi, 1990; Messick, 2004). Descloux et al. (2020) detectaram molecularmente tais agentes em moscas Hippoboscoidea (*Cyclopodia horsfieldi*) coletadas de morcegos na Nova Caledônia.

A transfusão sanguínea pode ser considerada como uma forma adicional de transmissão de hemoplasmas (Gary et al., 2006). Neste sentido, *M. haemofelis* e "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" foram armazenados em sangue contendo anticoagulante CPDA-1por um período de uma hora, uma semana e um mês a 4ºC. *M. haemofelis* sobreviveu por até uma hora de armazenamento. '*Candidatus* Mycoplasma haemominutum'sobreviveu por até uma semana. Segundo os autores, a transmissão de hemoplasmas para gatos não infectados pode ocorrer após a administração de sangue felino infectado que foi armazenado em solução de CPDA-1 por 1 hora (*M. haemofelis)* e 1 semana ('*Candidatus* Mycoplasma haemominutum') (GARY et al., 2006).

A transmissão transplacentária tem sido incriminada como importante via transmissão de hemoplasmas entre mães e filhotes em suínos e alpacas (Berrier e Gouge, 1954; Almy et al., 2006). Adicionalmente, interações agressivas entre animais, com exposição a sangue infectado pelos agentes em questão, por meio de conflitos por fêmeas, alimento e território entre os animais, vêm sendo elencadas como uma das principais formas de transmissão destes agentes (Lopes, 2013).

Os sinais clínicos associados às hemoplasmoses variam conforme a espécie envolvida, além da fase da doença e das outras enfermidades concomitantes (Messick, 2004; Millan et al., 2020). Os sinais clínicos típicos de hemoplasmose na maioria das espécies hospedeiras, com pequenas variações, incluem letargia, anorexia, palidez de mucosas, pirexia, edema de membros, fraqueza e menor rendimento nos animais de produção. Tais sinais clínicos geralmente estão associados à presença de parasitemia obervada nos esfregaços sanguíneos corados (Henderson et al., 1997; Stoffregen et al. 2006; Aguirre et al., 2009). Na forma crônica da doença, os animais apresentam-se imunocompetentes e aparentemente sadios (Messick, 2004).

Grande diversidade de espécies ou ‘*Candidatus’* a espécies de hemoplasmas vem sendo descrita em animais selvagens no Brasil, tais como em canídeos e felídeos selvagens (André et al., 2011; De Sousa et al., 2017), roedores (Gonçalves et al., 2015; 2020; De Sousa et al., 2017), cervídeos (Grazziotin et al., 2011; André et al., 2020), quatis (De Sousa et al., 2017; Perles et al., 2023), marsupiais (Gonçalves et al., 2020; PONTAROLO et al., 2021), morcegos (Ikeda et al., 2017, 2023; De Mello et al., 2023, 2024), javalis (DIAS et al., 2019), primatas não-humanos (Bonato et al., 2015) e antas (Mongruel et al., 2022).

No que diz respeito à ocorrência e diversidade de hemoplasmas em mamíferos da Superordem Xenarthra, De Oliveira et al. (2022), por meio de ensaios moleculares baseados no gene 16S rRNA de hemoplasmas, detectaram DNA desses agentes em 81/386 (20,98%) amostras de sangue de animais amostrados em cinco estados brasileiros (Mato Grosso do Sul, São Paulo, Pará, Rondônia e Rio Grande do Sul), sendo 15,54% (60/386) das amostras positivas na PCR convencional e 5,44% (21/386) na PCR em tempo real; três amostras foram positivas em ambos os ensaios. Destas, 39,74% (31/78) também foram positivas na PCR para o gene 23S rRNA e 7,69% (6/78) para o gene RNAse P de hemoplasmas. Amostras positivas pertenciam a bichos-preguiça (*Bradypus* sp. 2/3, *Bradypus tridactylus* 27/192 e *Choloepus* sp. 5/31), tamanduás (*Tamandua tetradactyl*a *8/40* e *Myrmecophaga tridactyla* 12/67) e tatus (*Dasypus novemcinctus* 1/14, *Euphractus sexcinctus* 2/14 e *Priodontes maximus* 24/25). Com base na baixa identidade (96,09-96,57% para 16S rRNA e 88,45 - 90,58% para 23S rRNA) e no posicionamento filogenético de sequências 16S rRNA e 23S rRNA de hemoplasmas detectadas em tamanduás, tatus e preguiças, o estudo mostrou, pela primeira vez, a ocorrência de novos ‘Candidatus *Mycoplasma* spp.’ (‘*Candidatus* Mycoplasma haematotetradactyla’ detectado em *Tamandua tetradactyla* dos estados de Mato Grosso do Sul, Pará, e Rio Grande do Sul, ‘*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus’ detectado em *Priodontes maximus* do estado de Mato Grosso do Sul e ‘*Candidatus* Mycoplasma haematotridactylus’ detectado em *Bradypus tridactylus* do estado de Pará).

3. Referências

Aguiar, M. D.; Araújo Junior, J. P.; Nakazato, L.; Bard, E.; Aguilar-Bultet, L.; Vorimore, F.; Vsevolod, L. P.; Colodel, E. M.; Cabezas-Cruz, A. (2019) Isolation and characterization of a novel pathogenic strain of *Ehrlichia minasensis.* **Microorganisms***,* 7:528.

Aguirre, D. H.; Thompson, C.; Neumann, R. D.; Salatin, A. O.; Gaido, A. B.; De Echaide, S. T. (2009) Clinical mycoplasmosis outbreak due to *Mycoplasma ovis* in sheep from Shalta, Argentina. Clinical, microbiological and molecular diagnosis. **Revista Argentina de Microbiologia**, 41:212-214.

Aktas, M.; Altay, K.; Dumanli, N.; Kalkan, A. (2009) Molecular detection and identification of *Ehrlichia* and *Anaplasma* species in ixodid ticks. **Parasitology Research,** 104:1243– 1248.

Alanazi, A. D.; Nguyen, V. L.; Alyousif, M. S.; Manoj, R. R.; Alouffi, A. S.; Donato, R.; Sazmand, A.; Mendonza-Roldan, J. A.; Dantas-Torres, F.; Otranto, D. (2020) Ticks and associated pathogens in camels (*Camelus dromedarius*) from Riyadh Province, Saudi Arabia. **Parasites & Vectors,** 13:1-9.

Allsopp, B. A. (2015) Heartwater- *Ehrlichia ruminantium* infection. **Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics),** 34: 557-568.

allsopp, b. A. (2010) Natural history of *Ehrlichia ruminantium*. **Veterinary Parasitology**, 167:123–135.

Allsopp, M. T.; Allsopp, B. A. (2001) Novel *Ehrlichia* genotype detected in dogs in South Africa. **Journal of Clinical Microbiology,** 39: 4204–4207.

Almy, F. S.; Ladd, S. M.; Sponenberg, D. P.; Crisman, M. V.; Messick, J. B. (2006) *Mycoplasma haemolamae* infection in a 4-day-old cria: Support for in utero transmission by use of a polymerase chain reaction assay. **The Canadian veterinary journal**, 47:229–233.

Alves, C. S. P.; Mourão, G. (2006) Responses of a specialized insectivorous mammal (*Myrmecophaga tridactyla*) to variation in ambient temperature. **Biotropica,** 38:52-56.

Amer, S.; Kim, S.; Yun, Y.; Na, K. J. (2019) Novel variants of the newly emerged *Anaplasma capra* from Korean water deer (*Hydropotes inermis argyropus*) in South Korea. **Parasites & vectors,** 12.

Anderson, B. E.; Dawson, J. E.; Jones, D. C.; Wilson, K. H. (1991) *Ehrlichia chaffeensis*, a new species associated with human ehrlichiosis. **Journal of Clinical Microbiology,** 29:2838–2842.

Anderson, B. E.; Greene, C. E.; Jones, D. C.; Dawson, J. E. (1992) *Ehrlichia ewingii*. sp. Nov., the etiologic agent of canine granulocytic ehrlichiosis. **International Journal of Systematic Bacteriology,** 42:299–302.

André, M. R. (2018) Diversity of *Anaplasma* and *Ehrlichia/Neoehrlichia* agents in terrestrial wild carnivores worldwide: implications for human and domestic animal health and wildlife conservation. **Frontiers in Veterinary Science,** 5.

André, M. R.; Adania, C. H.; Allegretti, S. M.; Machado, R. Z. (2011) Hemoplasmas in Wild Canids and Felids in Brazil. **Journal of Zoo and Wildlife**, 42:342–347.

André, M. R.; Duarte, J. M. B.; Gonçalves, L. R.; Sacchi, A. B.; Jusi, M. M. G.; Machado, R. Z. (2020) New records and genetic diversity of *Mycoplasma ovis* in free ranging deer in Brazil. **Epidemilogy and Infection**, 148.

André, M. R.; Gutiérrez, R.; Ikeda, P.; Do Amaral, R. B.; De Sousa, K. C. M.; Nachum-Biala, Y.; Lima, L.; Texeira, M. M. G.; Machado, R. Z.; Harrus, S. (2019) Genetic diversity of *Bartonella* spp. in vampire bats from Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, 66:2329-2341.

Anziani, O. S.; Ewing, S. A.; Barker, R. W. (1990) Experimental transmission of a granulocytic form of the tribe Ehrlichieae by *Dermacentor variabilis* and *Amblyomma americanum* to dogs. **American Journal of Veterinary Research**, 51:929–931.

ASASG. Os xenartros. Disponível em: Acesso em: https://www.xenarthrans.org/pt/especies-2/ Janeiro, 2024

Atif, F. A. (2016) Alpha proteobacteria of genus *Anaplasma* (Rickettsiales: Anaplasmataceae): Epidemiology and characteristics of *Anaplasma* species related to veterinary and public health importance. **Parasitology,** 143.

Aubry, P.; Geale, D. W. (2011) A review of bovine anaplasmosis. **Transboundary and emerging diseases**, 58:1–30.

Avidor, B.; Graidy, M.; Efrat, G.; Leibowitz, C.; Shapira, G.; Schattner, A.; Zimhony, O.; Giladi, M. (2004) *Bartonella koehlerae*, a New Cat-Associated Agent of Culture-Negative Human Endocarditis. **Journal of Clinical Microbiology**, 42.

Bai, Y.; Osinubi, M.; Osikowicz, L.; Mckee, C.; Vora, N. M.; Rizzo, M.; Kosoy, M. Y. (2018) Human Exposure to Novel *Bartonella* Species from Contact with Fruit Bats. **Emerging Infectious Diseases**, 24: 2317-2323.
Bakken, J. S.; Dumler, J. S. (2000) Human granulocytic ehrlichiosis. **Clinical Infectious Diseases,** 31:554–560.

Bakken, J. S.; Krueth, J. K.; Lund, T.; Malkovitch, D.; Asanovich, K.; Dumler, J. S. (1996) Exposure to deer blood may be a cause of human granulocytic ehrlichiosis. **Clinical Infectious Diseases,** 23:198.

Battilani, M.; De Arcangeli, S.; Balboni, A.; Dondi, F. (2017) Genetic diversity and molecular epidemiology of *Anaplasma*. **Infection, Genetics and Evolution**, 49:195-211.

Belkahia, H.; Said, M. B.; Ghribi, R.; Selmi, R.; Asker, A. B.; Yahiaoui, M.; Bousrih, M.; Daalouljedidi, M. L. (2019) Molecular detection, genotyping and phylogeny of *Anaplasma* spp. in *Rhipicephalus* ticks from Tunisia. **Acta tropica** 191:38-49.

Benirschke, K. (1968) Why armadillos? Animal Models for Biomedical Research. 4:45-54.

Berkenkamp, S. D.; Wescott, R. B. (1988) Arthropod transmission of *Eperythrozoon coccoides* in mice. **Laboratory Animal Science**, v. 38:398-401.

Berrier, H. H.; Gouge, R. E. (1954) Eperythrozoonosis transmitted in utero from carrier sows to their pigs. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, 124:98-100.

Bertassoni, A. (2017) **Ecologia espacial e populacional de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) em estação ecológica de domínio cerrado, São Paulo, Brasil.** 127 f. Tese (Doutorado em Biologia Animal) – UNESP, São José do Rio Preto.

Bevan, L. E. W. (1912) Anaplasmosis of sheep. **The Veterinary Journal,** 68:400–401.

Biggs, H. M.; Behravesh, C. B.; Bradley, K. K.; Dahlgren, F. S.; Drexler, N. A.; Dumler, J. S.; Folk, S. M.; Kato, C. Y.; Lash, R. R.; Levin, M. L.; Massung, R. F.; Nadelman, R. B.; Nicholson, W. L.; Paddock, C. D.; Pritt, B. S.; Traeger, M. S. (2016) Diagnosis and management of tickborne rickettsial diseases: Rocky Mountain spotted fever and other spotted fever group rickettsioses, ehrlichioses, and anaplasmosis—United States. **MMWR Recommendations and Reports,** 65:1– 44.

Biondo, A. W.; Santos, A. P.; Guimarães, A. M. S.; Vieira, R. F. C.; Vidotto, O.; Macieira, D. B.; Almosny, N. R. P.; Molento, M. B.; Timenetsky, J.; Morais, H. A.; González, F. H. D.; Messick, J. B. (2009) A review of the occurrence of hemoplasmas (hemotrophic mycoplasmas) in Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, 18: 1–7.

Birtles, R.J.; Harrison, T. G.; Saunders, N. A.; Molyneux, D. H. (1995) Proposals to unify the genera *Grahamella* and *Bartonella*, with descriptions of *Bartonella talpae* comb. nov., *Bartonella peromysci* comb. nov., and three new species, *Bartonella grahamii* sp. nov., *Bartonella taylorii* sp. nov., and *Bartonella doshiae* sp. nov. **International Jounal of Systematic and Evolutionary Microbiology,** 45:1–8.

Bloch, A.; Sigelmann, O. B.; Kapeller, P. J.; Alves, N.; Hazan, I. E.; Filho, M. M.; Niskier, A.; Ghivelder, Z.; Martins, L.; Moojen, J.; Welman, D.; Reis, J. (1976) Os desdentados. In: Os animais, v. 3, Bloch ed., Rio de Janeiro, p. 1220.

Bonato, L.; Figueiredo, M. A. P.; Goncalves, L. R.; Machado, R. Z., André, M. R. (2015) Occurrence and molecular characterization of *Bartonella* sp. and hemoplasmas in neotropical primates from Brazilian Amazon. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 42:15–20.

Bouza-Mora, L.; Dolz, G.; Solórzano-Morales, A.; Romero-Zuñiga, J. J.; Salazar-Sánchez, L.; Labruna, M. B.; Aguiar, D. M. (2017) Novel genotype of *Ehrlichia canis* detected in samples of human blood bank donors in Costa Rica. **Ticks and tick-borne diseases**, 8:36-40.

Braga, F. G. (2010) **Ecologia e comportamento de tamanduá-bandeira *Myrmecophaga tridactyla* Linnaeus, 1758 no município de Jaguariaíva, Paraná.** 104f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

Breitschwerdt, E. B.; Kordick, D. L. (2000) *Bartonella* infection in animals: carriership, reservoir potential, pathogenicity, and zoonotic potential for human infection. **Clinical Microbiology Reviews,** 13:428–438.

Brenner, D.J.; O'connor, S.P.; Winkler, H.H.; Steigerwalt, A.G. (1993) Proposals to unify the genera *Bartonella* and *Rochalimaea*, with descriptions of *Bartonella quintana* comb.nov., *Bartonella vinsoni* comb. nov., *Bartonella henselae* comb. nov., and *Bartonella elizabethae* comb. nov., and to remove the family Bartonellaceae from the order Rickettsiales**. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 43:777–786.

Brown, G. K.; Martin, A. R.; Roberts, T. K.; Dunstan, R. H. (2005) Molecular detection of *Anaplasma platys* in lice collected from dogs in Australia. **Australian Veterinary Journal,** 83:101-102.

Buller, R.S.; Arens, M.; Hmiel, S. P.; Paddock, C. D.; Sumner, J. W.; Rikihisa, Y.; Unver, A.; Gaudreault-Keener, M.; Manian, F. A.; Liddell, A. M.; Schmulewitz, N.; Storch, G. A. (1999) *Ehrlichia ewingii*, a newly recognized agent of human ehrlichiosis. **New England Journal of Medicine**, 341:148–155.

Burkot, T. R.; Maupin, G. O.; Schneider, B. S.; Denatale, C.; Happ, C. M.; Rutherford, J, S.; Zeidner, N. S. (2001) Use of a sentinel host system to study the questing behavior of *Ixodes spinipalpis* and its role in the transmission of *Borrelia bissettii*, human granulocytic ehrlichiosis, and *Babesia microti*. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, 65:293– 299.

Buysse, M.; Koual, R.; Binetruy, F.; De Thoisy, B.; Baudrimont, X.; Garnier, S.; Douine, M.; Chevillon, C.; Delsuc, F.; Catzeflis, F.; Bouchon, D.; Duron, O. (2024) Detection of *Anaplasma* and *Ehrlichia* bacteria in humans, wildlife, and ticks in the Amazon rainforest. **Nature Communications**, 15(3988).

Cabezas-Cruz, A. Gallois, M.; Fontugne, M.; Allain, E.; Denoual, M.; Moutailler, S.; Devillers, E.; Zientara, S.; Memmi, M.; Chauvin, A.; Agoulon, A.; Vayssier-Taussat M.; Chartier, C. (2019) Epidemiology and genetic diversity of *Anaplasma ovis* in goats in Corsica, France. **Parasites & vectors,** 12(3).

Cabezas-Cruz, A. Zweygarth, E.; Marie Vancová, M.; Broniszewska, M.; Grubhoffer, L.; Passos, L. M. F.; Ribeiro, M. F. B.; Alberdi, P.; De La Fuente, J. (2016) *Ehrlichia minasensis* sp. nov., isolated from the tick *Rhipicephalus microplus*. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 66:1426-1430.

Calchi, A. C.; Vultão, J. G.; Alves, M. H.; Yogui, D. R.; Desbiez, A. L. J.; De Santi, M.; Santana, M. S.; Silva, T. M. V.; Werther, K.; Teixeira, M. M. G.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2020a) *Ehrlichia* spp. and *Anaplasma* spp. in Xenarthra mammals from Brazil, with evidence of novel '*Candidatus* Anaplasma spp.'. **Scientific Reports**, 10(1).

Calchi, A. C.; Vultão, J. G.; Alves, M. H.; Yogui, D. R.; Desbiez, A. L. J.; Amaral, R. B.; Santi, M.; Teixeira, M. M. G.; Werther, K.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2020b) Multi-locus sequencing reveals a novel *Bartonella* in mammals from the Superorder Xenarthra. **Transbound Emerging Diseases**, 67: 2020-2033.

Cao, W. C.; Gao, Y. M.; Zhang, P. H.; Zhang, X. T.; Dai, Q. H.; Dumler, J. S.; Fang, L. Q.; Yang, H. (2000) Identification of *Ehrlichia chaffeensis* by nested PCR in ticks from Southern China. **Journal of Clinical Microbiology**, 38:2778–2780.

Cardoso, L.; Gilad, M.; Cortes, H. C.; Nachum-Biala, Y.; Lopes, A. P.; Vila-Viçosa, M. J.; Simões, M.; Rodrigues, P. A.; Baneth, G. (2015) First report of *Anaplasma platys* infection in red foxes (*Vulpes vulpes*) and molecular detection of *Ehrlichia canis* and *Leishmania infantum* in foxes from Portugal. **Parasites & Vectors**, 8(144).

Carvalho, I. T. S.; Melo, A. L. T.; Freitas, L. C.; Verçoza, R. V.; Alves, A. S.; Costa, J. S.; Chitarra, C. S.; Nakazato, L.; Dutra, V.; Pacheco, R. C.; Aguiar, D. M. (2016) Minimum infection rate of *Ehrlichia minasensis* in *Rhipicephalus microplus* and *Amblyomma sculptum* ticks in Brazil. **Ticks Tick-Borne Diseases**, 7:849-852.

Cassano, C. R. (2006) **Ecologia e conservação da preguiça-de-coleira (*Bradypus torquatus* Illiger, 1811) no sul da Bahia**. 106 f. Dissertação (Mestrado em Zoologia) - Universidade Federal de Santa Cruz, Ilhéus.

Ceci, L.; Iarussi, F.; Greco, B.; Lacinio, R.; Fornelli, S.; Carelli, G. (2014) Retrospective study of hemoparasites in cattle in southern Italy by reverse line blot hybridization. **Journal of Veterinary Medical Science,** 76: 869–875.

Chen, S. M.; Dumler, J. S.; Bakken, J. S.; Walker, D. H. (1994) Identification of a granulocytotropic *Ehrlichia* species as the etiologic agent of human disease. **Journal of Clinical Microbiology,** 32:589–595.

Chochlakis, D.; Ioannou, I.; Sharif, L.; Kokkini, S.; Hristophi, N.; Dimitriou, T.; Tselentis, Y.; Psaroulaki, A. (2010) Prevalence of *Anaplasma* sp. in goats and sheep in Cyprus. **Vector Borne Zoonotic Diseases**, 9:457–463.

Cicculli, V.; Masse, S.; Capai, L.; De Lamballerie, X.; Charrel, R.; Falchi, A. (2019) First detection of *Ehrlichia minasensis* in *Hyalomma marginatum* ticks collected from cattle in Corsica, France. **The Journal of Veterinary Medical Science**, 5:243-248.

Citti, C.; Blanchard, A. (2013) Mycoplasmas and their host: Emerging and reemerging minimal pathogens. **Trends in Microbiology**, 21:196–203.
Clark, K. L. (2012) *Anaplasma phagocytophilum* in small mammals and ticks in northeast Florida. **Journal of Vector Ecology**, 37:262–268.

Cohn, L. A. (2003) Ehrlichiosis and related infections. **Veterinary Clinics: Small Animal Practice**, 33:863-884.

Colton, L.; Kabeya, H.; Kosoy, M. (2012) Experimental infection of three laboratory mouse stocks with a shrew origin *Bartonella elizabethae* strain: an evaluation of bacterial host switching potential. **Infection Ecology & Epidemiology**, 2(1).

Couto, C. G. (1998) Doenças Rickettsiais In: Birchard, Sherding, **Manual Saunders: Clínica de pequenos animais**. Editora Roca, v. 139(42).

Cowdry, E. V. (2005) Studies on the etiology of heartwater. 1. Observation of a Rickettsia, *Rickettsia ruminantium* (n. sp.), in the tissues of infected animals. **Journal of Experimental Medicine,** 42:231–252.

Cubas, Z. S.; Silva, J. C. R.; Catão-Dias, J. L. (2007) **Tratado de animais selvagens**: Medicina Veterinária. São Paulo: Roca.

Cubas, Z. S.; Silva, J. C. R.; Catão-Dias, J. L. (2014) **Tratado de animais selvagens**: Medicina Veterinária. 2ed. Rio de Janeiro: Roca.

Da Silva, A. S.; Lopes, L. S.; Diaz, J. D.; Tonin, A. A.; Stefani, L. M.; Araújo, D.; N. (2013) Lice outbreak in buffaloes: evidence of *Anaplasma marginale* transmission by sucking lice *Haematopinus tuberculatus*. **Journal of Parasitology,** 99:546-547.

Dahmani, M.; Davoust, B.; Benterki, M. S.; Fenollar, F.; Raoult, D.; Mediannikov, O. (2015) Development of a new PCR-based assay to detect Anaplasmataceae and the first report of *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma platys* in cattle from Algeria. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 39:39–45.

Dawson, J. E.; Anderson, B. E.; Fishbein, D. B.; Sanchez, J. L.; Goldsmith, C. S.; Wilson, K. H.; Duntley, C. W. (1991) Isolation and characterization of an *Ehrlichia* sp. from a patient diagnosed with human ehrlichiosis. **Journal of Clinical Microbiology,** 29:2741-2745.

De Aguiar, D. M.; Araújo Junior, J. P.; Nakazato, L.; Bard, E.; Aguilar-Bultet, L.; Vorimore, F.; Popov, V. L.; Colodel, E. M.; Cabezas-Cruz, A. (2019) Isolation and Characterization of a Novel Pathogenic Strain of *Ehrlichia minasensis*. **Microorganisms**, 7(528).

De La Fuente, J.; Ruiz-Fons, F.; Naranjo, V.; Torina, A.; Rodríguez, O.; Gortázar, C. (2008) Evidence of *Anaplasma* infections in European roe deer (*Capreolus capreolus*) from southern Spain. **Research in Veterinary Science**, 84:382–386.

De Los Santos, J. R.; Boughan, K.; Bremer, W. G.; Rizzo, B.; Schaefer, J. J.; Rikihisa, Y.; Needham, G. R.; Capitini, L. A.; Anderson, D. E.; Oglesbee, M.; Ewing, S. A.; Stich, R. W. (2007) Experimental infection of dairy calves with *Ehrlichia chaffeensis*. **Journal of Medical Microbiology**, 56:1660-1668.

De Medeiros, M. B. (2018). Manejo do fogo em unidades de conservação do cerrado. **Boletim do Herbário Ezechias Paulo Heringer**, 10.

De Mello, V. V. C, De Oliveira, L. B.; Coelho, T. F. S. B.; Lee, D. A. B.; Franco, E. O.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2024) Molecular survey of hemoplasmas and *Coxiella burnetii* in vampire bats from northern Brazil. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 106.

De Mello, V. V. C.; Placa, A. J. V.; Lee, D. A. B.; Franco, E. O.; Lima, L; Teixeira, M. M. G., Hemsley, C.; Titball, R. W.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2023) Molecular detection of blood-borne agents in vampire bats from Brazil, with the first molecular evidence of *Neorickettsia* sp. in *Desmodus rotundus* and *Diphylla ecaudata*. **Acta Tropica**, 244.

De Oliveira, L. B.; Calchi, A. C.; Vultão, J. G.; Yogui, D. R.; Kluyber, D.; 4, Alves, M. H.; Desbiez, A. L. J.; De Santi, M.; Soares, A. G.; Soares, J. F.; Werther, K.; Teixeira, M. M. G.; Machado, R. Z.; Marcos Rogério André, M. R. (2022) Molecular investigation of haemotropic mycoplasmas and *Coxiella burnetii* in free-living Xenarthra mammals from Brazil, with evidence of new haemoplasma species. **Transboundary and Emerging Diseases**, 69:1877 – 1891.

De Sousa, K. C. M., Do Amaral, R. B., Herrera, H. M., Santos, F. M., Macedo, G. C., De Andrade Pinto, P. C. E.; Barros-Battesti, D. M.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2018) Genetic diversity of Bartonella spp. in wild mammals and ectoparasites in Brazilian Pantanal. **Microbial Ecology**, 76:544–554.

De Sousa, K. C. M.; Herrera, H. M.; Secato, C. T.; Oliveira, A. V.; Santos, F. M., Rocha, F. L.; Barreto, W. T. G.; Macedo, G. C.; Pinto, P. C. E. A., Machado, R. Z.; Costa, M. T.; Andre, M. R. (2017) Occurrence and molecular characterization of hemoplasmas in domestic dogs and wild animals in a Brazilian wetland. **Acta Tropica**, v. 171.

Delsuc, F.; Catzeflis, F. M.; Stanhope, M. J.; Douzery, E. J. P. (2001) The evolution of armadillos, anteaters and sloths depicted by nuclear and mitochondrial phylogenies: implications for the status for the enigmatic fossils Eurotamandua. **Proceedings of the Royal Society of London**, 268:1605-1615.

Des Vignes, F.; Fish, D. (1997) Transmission of the agent of human granulocytic ehrlichiosis by host-seeking *Ixodus scapularis* (Acari:Ixodidae) in southern New York state. **Journal of Medical Entomology,** 34:379–382.

Descloux, E.; Mediannikov, O.; Gourinat, A. C.; Colot, J.; Chauvet, M.; Mermoud, I.; Desoutter, D.; Cazorla, C.; Klement-Frutos, E.; Antonini, L.; Levasseur, A.; Bossi, V.; Davoust, B.; Merlet, A.; Goujart, M. A.; Oedin, M.; Brescia, F.; Laumond, S.; Fournier, P. E.; Raoult, D. (2020) Flying fox haemolytic fever, description of a new zoonosis caused by "*Candidatus* Mycoplasma haemohominis". Clinical infectious diseases: an official publication of the **Infectious Diseases Society of America**, 73:1445–1453.

Dias, G. B.; Do Amaral, R. B.; Gatto, I. R. H.; Lapera, I. M.; De Oliveira, L. G.; Lux Hoppe, E. G.; Machado, R. Z., André, M. R. (2019) Molecular detection of *Mycoplasma suis* in captive white-lipped peccaries (*Tayassu pecari*) and wild boars (*Sus scrofa*) in Brazil. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 63: 94– 96.

Dikmans, G. (1950) The transmission of anaplasmosis. **American Journal of Veterinary Research**, v. 11, p. 5–16.

Diniz, P. P. V. De P.; Velho, P. E. N. F.; Pitassi, L. H. U.; Drummond, M. R.; Lania, B. G.; Barjas-Castro, M. L.; Sowy, S.; Breitschwerdt, E. B.; Escorpião, D. G. (2016) Risk factors for *Bartonela* Infection by Species in Blood Donors from Southeast Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, 10(3).

Do Amaral, R. B.; Cardozo, M. V.; Varani, A. M.; Furquim, M. E. C.; Dias, C. M.; De Assis, W. O.; Da Silva, A. R.; Herrera, H. M.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2022b) First Report of *Bartonella* spp. in Marsupials from Brazil, with a Description of *Bartonella harrusi* sp. nov. and a New Proposal for the Taxonomic Reclassification of Species of the Genus *Bartonella*. **Microorganisms,** 10(8).

Do Amaral, R. B.; Cardozo, M. V.; Varani, A. M.; Gonçalves, L. R.; Furquim, M. E. C.; Dias, C. M.; Santana, M. S.; De Assis, W. O.; Da Silva, A. R.; Herrera, H. M.; André, M. R. (2022a) *Bartonella machadoae* sp. nov. isolated from wild rodents in the Pantanal wetland. **Acta tropica**. 106368.

Donatien, A.; Lestoquard, F. (1936) *Rickettsia bovis*, nouvelle espèce pathogène pour le beouf. **Bulletin de la Societe de Pathologie Exotique,** 29:1057-1061.

Dos Santos, C. M. (2023) **OCORRÊNCIA DA INFECÇÃO POR *Bartonella sp.* E *Ehrlichia sp.* EM CÃES *(Canis lupus familiaris)* E GATOS *(Felis catus)* DE CAMPO GRANDE, MS.** Dissertação (Mestrado em Doenças Infecciosas e Parasitárias) Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. CAMPO GRANDE - MS.

Doudier, B.; Olano, J.; Parola, P.; Brouqui, P. (2010) Factors contributing to emergence of *Ehrlichia* and *Anaplasma* spp. as human pathogens. **Veterinary Parasitology**, 167:149-154.

Dugat, T.; Lagrée, A. C.; Maillard, R.; Boulouis, H. J.; Haddad, N. (2015) Opening the black box of *Anaplasma phagocytophilum* diversity: current situation and future perspectives. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, 5:1-18.

Dumler, J. S. Barbet, F.; Bekker, C. P.; Dasch, G. A.; Palmer, G. H.; Ray, S. C.; Rikihisa, Y.; Rurangirwa, F. R. (2001) Reorganization of genera in the families Rickettsiaceae and Anaplasmataceae in the order Rickettsiales: unification of some species of *Ehrlichia* with *Anaplasma*, *Cowdria* with *Ehrlichia* and *Ehrlichia* with *Neorickettsia*, descriptions of six new species combinations and designation of *Ehrlichia equi* and 'HGE agent' as subjective synonyms of *Ehrlichia phagocytophila*. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 51:2145–2165.

Emmons, L.; Feer, F. (1990) Neotropical rainforest mammals: a field guide. Chicago: The University the Chicago Press.

Eremeeva, M. E.; Gerns, H. L.; Lydy, S. H.; Goo, J. S.; Ryan, E. T.; Mathew, S.S.; Ferraro, M. J.; Holden, J. M.; Nicholson, W. L.; Dasch, G. A.; Koehler, J. E. (2007) Bacteremia, Fever, and Splenomegaly Caused by a Newly Recognized Bartonella Species. **The New Englande Journal of medicine**, 356(23).

Eshoo, M.W.; Carolan, H.E.; Massire, C.; Chou, D.M.; Crowder, C.D.; Rounds, M.A.; Phillipson, C.A.; Schutzer, S.E.; Ecker, D.J. (2015) Survey of ixodes pacificus ticks in California reveals a diversity of microorganisms and a novel and widespread Anaplasmataceae species. **PLoS ONE**, 10.

Ewing, S. A. (1981) Transmission of *Anaplasma marginale* by arthropods. In: **PROCEEDINGS OF THE SEVENTH NATIONAL ANAPLASMOSIS CONFERENCE** Starkville:MS, p. 425–434.

Ewing, S.A.; Roberson, W. R.; Buckner, R. G.; Hayat C. S. (1971) A new strain of *Ehrlichia canis*. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, 159:1771-1774.

Favacho, A. R. M.; Andrade, M. N.; De Oliveira, R. C.; Bonvicino, C. R.; D'andrea, P. S.; De Lemos, E. R. S. (2015) Zoonotic *Bartonella* species in wild rodents in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. **Microbes and Infection**, 17: 889-892.

Feldhamer, G. A.; Drickamer, L. C.; Vessey, S. H. E.; Merritt. J. F. (1999) Mammalogy: adaptation, diversity, and ecology. The McGraw-hill Companies, Inc, p.1- 563.

Félix, M. L.; Muñoz-Leal, S.; Carvalho, L. A.; Queirolo, D.; Remesar, S.; Armúa-Fernández, M. T.; Venzal, J. M. (2021) Characterization of "*Candidatus* Ehrlichia Pampeana" in *Haemaphysalis juxtakochi* Ticks and Gray Brocket Deer (*Mazama gouazoubira*) from Uruguay. **Microorganisms,** 9(10).

Fenollar, F.; Sire, S.; Raoult. D. (2005) *Bartonella vinsonii* subsp. *arupensis* as an Agent of Blood Culture-Negative Endocarditis in a Human. **Journal of Clinical Microbiology**, 43(2).

Fernandes, S. J.; Matos, C. A.; Freschi, C. R.; De Souza Ramos, I. A.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2019) Diversity of *Anaplasma* species in cattle in Mozambique. **Ticks and Tick-Borne Diseases,** 10:651-664.

Fernandes, T. N.; Young, R. J. (2008) Fluctuations in the tympanic membrane temperatures of non-restrained cautive giant anteaters and southern tamanduas. **Journal of Zoology**, 274:94-98.

Ferreira, M. S.; Guterres, A.; Rozental, T.; Novaes, R. L. M.; Vilar, E. M.; Oliveira, R. C. D.; Fernandes, J. Forneas, D.; Junior, A. A.; Brandão, M. L.; Cordeiro, J. L. P.; Alvarez, M. R. D. V.; Althoff, S. L.; Moratelli, R.; Cordeiro-Estrela, P.; Da Silva, R. D.; Lemos, E. R. S. D. (2018) *Coxiella* and *Bartonella* spp. in bats (Chiroptera) captured in the Brazilian Atlantic Forest biome. **BMC Veterinary Research**, 14:279–289.

Filoni, C.; Catão-Dias, J. L.; Cattori, V.; Willi, B.; Meli, M. L.; Corrêa, S. H. R.; Marques, M. C.; Adania, C. H.; Silva, J. C. R.; Marvulo, M. F. V.; Neto, J. S. F.; Durigon, E. L.; De Carvalho, V. M.; Coutinho, S. D.; Lutz, H.; Hofmann-Lehmann, R. (2012) Surveillance using serological and molecular methods for the detection of infectious agents in captive Brazilian neotropic and exotic felids. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, 24:166–173.

Fleischman, D. A.; Chomel, B. B.; Kasten, R. W.; André, M. R.; Gonçalves, L. R.; Machado, R. Z. (2014) *Bartonella clarridgeiae* and *Bartonella vinsonii* subsp. berkhoffii exposure in captive wild canids in Brazil. **Epidemiology & Infection**, 143:573–577.

Flores, F. S.; Sebastian, P. S.; Nava, S. (2023) Molecular detection of *Candidatus* Ehrlichia pampeana (Rickettsiales: Anaplasmataceae) in *Haemaphysalis juxtakochi* (Acari: Ixodidae) from central Argentina**. Veterinary Research Communications,** 48: 585–589.

Fontalvo, M. C.; Favacho, A. R. M.; Araujo, A. C.; Santos, N. M.; Oliveira, G. M. B.; Aguiar, D. M.; De Lemos, E. R. S.; Horta, M. C. (2017) *Bartonella* species pathogenic for humans infect pet, free-ranging wild mam-mals and their ectoparasites in Caatinga biome, Northeastern Brazil: A serological and molecular study. **The Brazilian Journal of Infectious Diseases**, 21:290–296.

Fraser, C. M.; Gocayne, J. D.; White, O.; Adams, M. D.; Clayton, R. A.; Fleischmann, R. D.; Bult, C. J.; Kerlavage, A. R.; Sutton, G.; Kelley, J. M.; Fritchman, R. D.; Weidman, J. F.; Small, K. V.; Sandusky, M.; Fuhrmann, J.; Nguyen, D.; Utterback, T. R.; Saudek, D. M.; Phillips, C. A.; Merrick, J. M.; Tomb, J. F.; Dougherty, B. A.; Bott, K. F.; Hu, P. C.; Lucier, T. S.; Peterson, S. N.; Smith, H. O.; Hutchison, C. A.; Venter, J. C. (1995) The minimal gene complement of *Mycoplasma genitalium*. **Science**, 270:397- 403.

Friedman, C.S.; Andree, K.B.; Beauchamp, K.A.; Moore, J.D.; Robbins, T.T.; Shields, J.D.; Hedrick, R.P. (2000) '*Candidatus* Xenohaliotis californiensis', a newly described pathogen of abalone, *Haliotis* spp., along the west coast of North America. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 50:847–855.

Fyumagwa, R. D.; Simmler, P.; Willi, B.; Meli, M. L.; Sutter, A.; Hoare, R.; Dasen, G.; Hofmann-Lehmann, R.; Lutz, H. (2008) Molecular detection of haemotropic Mycoplasma species in *Rhipicephalus sanguineus* tick species collected on lions (*Panthera leo*) from Ngorongoro Crator, Tanzania. **South African Journal of Wildlife Research**, 38:117-122.

Gajadhar, A. A.; Lobanov, V.; Scandrett, W. B.; Campbell, J.; Al-Adhami, B. (2010) A novel *Ehrlichia* genotype detected in naturally infected cattle in North America. **Veterinary parasitology**, 173:324-329.

García-Pérez, A. L.; Oporto, B.; Espí, A.; Del Cerro, A.; Barral, M.; Povedano, I.; Barandika, J. F.; Hurtado, A. (2016) Anaplasmataceae in wild ungulates and carnivores in northern Spain. **Ticks and Tick-borne Diseases,** 7:264–269.

Gardner, A. L. (2005) Order Pilosa. In: Wilson DE, Reeder DM (Ed) Mammal Species of the World. Baltimore: Johns Hopkins University Press p.94-99.

Gary, A. T.; Richmond, H. L.; Tasker, S.; Hackett, T. B.; Lappin, M. R. (2006) Survival of *Mycoplasma haemofelis* and "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" in blood of cats used for transfusions. **Journal of feline medicine and surgery**, 8:321–326.

Gaudin, T. J.; Wible, J. R. (1999) The entotympanic of pangolins and the phylogeny of the Pholidota (Mammalia). **Journal of Mammalian Evolution**, 6:39-65.

Gomes, C.; Ruiz, J. (2017) Carrion's Disease: the Sound of Silence. **Clinical Microbiology Reviews**, 31(1).

Gonçalves, L. R.; Favacho, A. R. D. M.; Roque, A. L. R.; Mendes, N. S.; Fidelis Junior, O. L.; Benevenute, J. L.; Herrera, H. M.; D'andrea, P. S.; De Lemos, E. R. S.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2016) Association of *Bartonella* species with wild and synanthropic rodents in different Brazilian biomes. **Applied and Environmental Microbiology**, 82:7154–7164.

Gonçalves, L. R.; Herrera, H.; Nantes, W.; Santos, F.; De Oliveira Porfírio, G.; Barreto, W.; Carvalho De Macedo, G.; De Oliveira Assis, W.; Campos, J. V.; Da Silva, T. V.; Mariano, L. C.; Barros-Battesti, D.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2020) Genetic diversity and lack of molecular evidence for hemoplasma cross species transmission between wild and synanthropic mammals from Central Western Brazil. **Acta Tropica**, 203.

Gonçalves, L. R.; Roque, A. L.; Matos, C. A.; Fernandes, S. J.; Olmos, I. D. F.; Machado, R. Z.; Andre, M. R. (2015) Diversity and molecular characterization of novel hemoplasmas infecting wild rodents from different Brazilian biomes. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, 43: 50–56.

Gordon, W. S.; Brownlee, A.; Wilson, D. R. (1940) Studies in louping-ill, tick-borne fever and scrapie. Proceedings: 3rd International Congress of Microbiology, (NewYork, NY), p. 362–363.

Gordon, W. S.; Brownlee, A.; Wilson, D. R.; Macleod, J. (1932) “Tick-borne fever” (a hitherto undescribed disease of sheep). **Journal of Comparative Pathology,** 45:301–307.

Grazziotin, A. L.; Duarte, J. M.; Szabó, M. P.; Santos, A. P.; Guimarães, A. M.; Mohamed, A.; Vieira, R. F.; De Barros Filho, I. R.; Biondo, A. W.; Messick, J. B. Prevalence and molecular characterization of *Mycoplasma ovis* in selected free-ranging Brazilian deer populations. **Journal of wildlife diseases**, v. 47, n. 4, p. 1005–1011, 2011.

Grazziotin, A. L.; (2011) **Hemoplasmas (micoplasmas hemotrópicos): prevalência/frequência da infecção, caracterização molecular e filogenia de hemoplasmas em cervídeos de cativeiro e vida livre do Brasil.** Dissertação (Mestrado em), Universidade Federal Do Paraná, CURITIBA.

Gribble, D. H. (1969) Equine ehrlichiosis. **JAVMA**, 155:462–469.

Groves, M. G.; Dennis, G. L.; Amyx, H. L.; Huxsoll, D. L. (1975) Transmission of *Ehrlichia canis* to dogs by ticks (*Rhipicephalus sanguineus*). **American Journal of Veterinary Research,** 36:937-940.

Guimaraes, A. M.; Santos, A. P.; Do Nascimento, N. C.; Timenetsky, J.; Messick, J. B. (2014) Comparative genomics and phylogenomics of hemotrophic mycoplasmas. **PLoS One**, 9:91445.

Guimaraes, A., Brandão, P. E., Moraes, W., Kiihl, S., Santos, L. C., Filoni, C.; Cubas, Z. S.; Robes, R. R.; Marques, L. M.; Neto, R. L.; Yamaguti, M.; Oliveira, R. C.; Catão-Dias, J. L.; Richtzenhain, L. J.; Messick, J. B.; Biondo, A. W.; Timenetsky, J. (2009) Detection of *Bartonella* spp. in neotrop-ical felids and evaluation of risk factors and hematological abnor-malities associated with infection. **Veterinary Microbiology**, 142: 346–351.

Guo, W. P.; Zhang, B.; Wang, Y. H.; Xu, G.; Wang, X.; Ni, X.; Zhou, E. M. (2019) Molecular identification and characterization of *Anaplasma capra* and *Anaplasma platys*-like in *Rhipicephalus microplus* in Ankang, Northwest China. **BMC Infectious Diseases**, 19(434).

Hailemariam, Z.; Krücken, J.; Baumann, M.; Ahmed, J. S.; Clausen, P. H.; Nijhof, A. M. (2017) Molecular detection of tick-borne pathogens in cattle from southwestern Ethiopia. **PLoS One**, 12.

Harrus, S.; Perlman-Avrahami, A.; Mumcuoglu, K. Y.; Morick, D.; Eyal, O.; Baneth, G. (2010) Molecular detection of *Ehrlichia canis, Anaplasma bovis, Anaplasma platys*, 'Candidatus Midichloria mitochondrii' and *Babesia canis vogeli* in ticks from Israel. **Clinical Microbiology and Infection**, 17:459-463.

Harvey, J. W.; Simpson, C. F.; Gaskin, J. M. (1978) Cyclic thrombocytopenia induced by a *Rickettsia*-like agent in dogs. **The Journal of Infectious Diseases,** 137:182-188.

Heinritzi, K.; Plank, G.; Peteranderl, W.; Sandner, N. (1990) Acid-base balance and carbohydrate metabolism in *Eperythrozoon suis* infected pigs. **Journal of Veterinary Medicine**, 37:412-417.

Henderson, J. P.; O"Hagan, J.; Hawe, S. M.; Pratt, M. C. H. (1997) Anaemia and low viability in piglets infected with *Eperythrozoon suis*. **Veterinary record**, 140:144-146.

Holden, K.; Boothby, J. T.; Anand, S.; Massung, R. F. (2003) Detection of *Borrelia burgdorferi*, *Ehrlichia chaffeensis*, and *Anaplasma phagocytophilum* in ticks (Acari: Ixodidae) from a coastal region of California. **Journal of Medical Entomology,** 40:534–539.

Hornok, S.; Szőke, K.; Meli, Ml.; Sándor, A. D.; Görföl, T.; Estók, P.; Wang, Y.; Tu, V. T.; Kováts, D.; Boldogh, S. A.; Corduneanu, A. (2019) Molecular detection of vector-borne bacteria in bat ticks (Acari: Ixodidae, Argasidae) from eight countries of the Old and New Worlds. **Parasites & Vectors**, 12:1–7.

Hosseini-Chegeni, A.; Tavakoli, M.; Goudarzi, G.; Telmadarraiy, Z.; Sharifdini, M.; Faghihi, F.; Ghanbari, M. K. (2020) Molecular Detection of *Anaplasma marginale* and *Anaplasma ovis* (Rickettsiales: Anaplasmataceae) in Ixodid Tick Species in Iran. **Archives of Razi Institute,** 75:39-46.

Hosseini-Vasoukolaei, N.; Oshaghi, M. A.; Shayan, P.; Vatandoost, H.; Babamahmoudi, F.; Yaghoobi-Ershadi, M. R.; Telmadarraiy, Z.; Mohtarami, F. (2014) *Anaplasma* infection in ticks, livestock and human in Ghaemshahr, Mazandaran Province, Iran. J. **Arthropod Borne Diseases,** 8:204–211.

Huarcayai, E.; Maguiñai, C.; Torresii, R.; Rupayi, J.; Fuentesiii, L. (2004) Bartonelosis (Carrion's Disease) in the pediatric population of Peru: an overview and update. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, 8(5).

Hwang, J.; Oh, D.; Lee, H.; Chun, M. (2015) *Anaplasma* sp. and hemoplasma infection in leopard cats (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) from Korea. **Journal of Veterinary Science**, 16(3).

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.; André, M. R. (2017) Evidence and molecular characterization of *Bartonella* spp. and hemoplasmas in neotropical bats in Brazil. **Epidemiology and Infection**, 145:1–15.

Ikeda, P.; Torres, J. M.; Perles, L.; Lourenço, E. C.; Herrera, H. M.; De Oliveira, C. E.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2020) Intra- and Inter-Host Assessment of Bartonella Diversity with Focus on Non-Hematophagous Bats and Associated Ectoparasites from Brazil. **Microorganisms,** 8(11).

Ikeda, Y.; Kang, H.; Kim, Y. K.; Oh, H. S.; Motokawa, M. (2023) Nasal bone variability in two Japanese horseshoe bats revealed by 3-dimensional geometric morphometrics. **Acta Chiropterologica**, 25:339-349.

IUCN (2023) The red list. Disponível em: https://www.iucnredlist.org/species/ Acesso em:30 janeiro de 2024.

Johnson, E. M.; Ewing, S. A.; Barker, R. W.; Fox, J. C.; Crow, D. W.; Kocan, K. M. (1998) Experimental transmission of *Ehrlichia canis* (Rickettsiales: Ehrlichieae) by *Dermacentor variabilis* (Acari: Ixodidae). **Veterinary parasitology**, 74: 277-288.

Jouglin, M.; Blanc, B.; De La Cotte, N.; Bastian, S.; Ortiz, K.; Malandrin, L. (2019) First detection and molecular identification of the zoonotic *Anaplasma capra* in deer in France. **PloS One,** 14.

Kabeya, H.; Colborn, J. M.; Bai, Y.; Lerdthusnee, K.; Richardson, J. H.; Maruyama, S.; Kosoy, M. Y. (2010) Detection of *Bartonella tamiae* DNA in Ectoparasites from Rodents in Thailand and Their Sequence Similarity with Bacterial Cultures from Thai Patients. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, 10(5).

Kang, J. G.; Chae, J. B.; Cho, Y. K.; Jo, Y. S.; Shin, N. S.; Lee, H.; Choi, K. S.; Yu, D. H.; Park, J.; Park, B. K.; Chae, J. S. (2018) Molecular detection of *Anaplasma*, *Bartonella*, and *Borrelia theileri* in raccoon dogs (*Nyctereutes procyonoides*) in Korea. **The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene,** 98:1061-1068.

Kerkhoff, F. T.; Bergmans, A. M. C.; Van Der Zee, A.; Rothova, A. (1999) Demonstration of *Bartonella grahamii* DNA in Ocular Fluids of a Patient with Neuroretinitis. **Journal of Clinical Microbiology**, 37(12).

Khumalo, Z. T.; Catanese, H. N.; Liesching, N.; Hove, P.; Collins, N. E.; Chaisi, M. E.; Gebremedhin, A. H.; Oosthuizen, M. C.; Brayton, K. A. (2016) Characterization of *Anaplasma marginale* subspecies centrale strains using *msp1aS* genotyping reveals a wildlife reservoir. **Journal of Clinical Microbiology**, 54(10).

Kim, C. M.; Kim, M. S.; Park, M. S.; Park, J. H.; Chae, J. S. (2003) Identification of *Ehrlichia chaffeensis*, *Anaplasma phagocytophilum*, and A. bovis in *Haemaphysalis longicornis* and *Ixodes persulcatus* ticks from Korea. **Vector Borne and Zoonotic Diseases**, 3:17–26.

Kim, C. M.; Yi, Y. H.; Yu, D. H.; Lee, M. J.; Cho, M. R.; Desai, A. R.; Shringi, S.; Klein, T. A.; Kim, H. C.; H. C.; Song, J. W.; Bae, L. J.; Chong, S. T.; O'guinn, M. L.; Lee, J. S.; Lee, I. Y.; Park, J. H.; Foley, J.; Chae, J. S. (2006) Tick-borne rickettsial pathogens in ticks and small mammals in Korea. **Applied and Environmental Microbiology**, 72: 5766-5776.

Kitchell, B. E.; Fan, T. M.; Walenberg, G.; Kordick, D. L.; Breitschwerdt, E. B. (2000) Peliosis hepatis in a dog associated with *Bartonella henselae*. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, 216:519–523.

Klink, C. A. e Machado, R. B. (2005). A conservação do Cerrado brasileiro. **Megadiversidade**, 1:147-155.

Kluyber, D.; Desbiez, A.; Attias, N.; Massocato, G.; Gennari, S.; Soares, H.; Baglagli, E.; Bosco, S.; Garces, H.; Ferreira, J.; Fontes, A.; Suffys, P.; Meireles, L.; Luna, E.; Jansen, A.; Roque, A. (2020) Zoonotic parasites infecting free-living armadillos from Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, 68:1639- 1651.

Kocan, K. M.; De La Fuente, F.; Blouin, E. F.; Coetzee, J. F.; Ewing, A. S. (2010) The natural history of *Anaplasma marginale*. **Veterinary Parasitology,** 167: 95-107.

Kocan, K. M.; De La Fuente, J.; Cabezas-Cruz, A. (2015) The genus *Anaplasma*: new challenges after reclassification. **Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics),** 34:577-586.

Kocan, K. M.; Goff, W. L.; Stiller, D.; Claypool, P. L.; Edwards, W.; Ewing, S. A.; Hair, J. A.; Barron, S. J. (1992) Persistence of *Anaplasma marginale* (Rickettsiales: Anaplasmataceae) in male *Dermacentor andersoni* (Acari: Ixodidae) transferred successively from infected to susceptible cattle. **Journal of Medical Entomology,** 29:657–668.

Kordick, D. L.; Breitschwerdt, E. B. (1997) Relapsing bacteremia after blood transmission of *Bartonella henselae* to cats. **American journal of Veterinary Research**, 58:492– 497.

Krügel, M.; Król, N.; Kempf, V. A. J.; Pfeffer, M.; Obiegala, A. (2022) Emerging rodentassociated *Bartonella*: a threat for human health**? Parasites & Vectors**, 15(113).

Kwan, J.C.; Schmidt, E.W. (2013) Bacterial endosymbiosis in a chordate host: Long-term co-evolution and conservation of secondary metabolism. **PLoS ONE,** 8.

Lamas, C.; Curi, A.; Bóia, M.N.; Lemos, E.R.S. (2008) Human bartonellosis: seroepidemiological and clinical features with an emphasis on data from Brazil - A Review. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, 103:221-235.

Lee, M.; Seo, M.; Lee, S.; Ouh, I.; Kim, Y.; Kim, J. Goo, Y.; Rhee, M.; Kim, T.; Kwon, O.; Kwak, D. (2018) Molecular detection and phylogenetic analysis of tick-borne pathogens in wild Korean water deer and farmed elk in Gyeongbuk and Gangwon Provinces of Korea. **Journal of Veterinary Medical Science**, 80:1473-1478.

Lee, M.; Yu, D.; Yoon, J.; Li, Y.; Lee, J.; Park, J. (2009) Natural co-infection of *Ehrlichia chaffeensis* and *Anaplasma bovis* in a deer in South Korea. **Journal of Veterinary Medical Science**, 71:101–103.

Lee, S. O.; Na, D. K.; Kim, C. M.; Li. Y. H.; Cho, Y. H.; Park, J. H.; Lee, J. H.; Eo, S. K.; Klein, T. A.; Chae, J. S. (2005) Identification and prevalence of *Ehrlichia chaffeensis* infection in *Haemaphysalis longicornis* ticks from Korea by PCR, sequencing and phylogenetic analysis based on 16S rRNA gene. **Journal of Veterinary Science,** 6:151–155.

Leibler, J.H.; Zakhour, C. M.; Gadhoke, P. Gaeta, J. M. (2016) Zoonotic and Vector-Borne Infections Among Urban Homeless and Marginalized People in the United States and Europe, 1990–2014. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**,16(7).

Li, H.; Zheng, Y. C.; Ma, L.; Jia, N.; Jiang, B. G.; Jiang, R. R.; Huo, Q. B.; Wang, Y. W.; Liu, H. B.; Chu, Y. L.; Song, Y. D.; Yao, N. N.; Sun, T.; Zeng, F. Y.; Dumler, J. S.; Jiang, J. F.; Cao, W. C. (2015) Human infection with a novel tick-borne *Anaplasma* species in China: a surveillance study. **The Lancet Infectious Diseases**, 15:663–670.

Li, J.; Liu, X.; Mu, J.; Yu, X.; Fei, Y.; Chang, J.; Bi, Y.; Zhou, Y.; Ding, Z.; Yin, R. (2019) Emergence of a Novel *Ehrlichia minasensis* Strain, Harboring the Major Immunogenic Glycoprotein trp36 with Unique Tandem Repeat and C-Terminal Region Sequences, in *Haemaphysalis hystricis* Ticks Removed from Free-Ranging Sheep in Hainan Province, China. **Microorganisms,** 7(369).

Lin, E. Y.; Tsigrelis, C.; Baddour, L. M.; Lepidi, H.; Rolain, J. M.; Patel, R.; Raoult, D. (2010) "*Candidatus* Bartonella mayotimonensis" and Endocarditis. **Emerging Infectious Disease**, 16:500–503.

Liu, Z.; Ma, M.; Wang, Z.; Wang, J.; Peng, Y.; Li, Y.; Guan, G.; Luo, J.; Yin, H. (2012) Molecular survey and genetic identification of *Anaplasma* species in goats from central and southern China. **Applied and Environmental Microbiology**, 78:464–470.

Lobanov, V. A.; Gajadhar, A. A.; Al-Adhami, B.; Schwantje, H. M. (2012) Molecular Study of Free-ranging Mule Deer and White-tailed Deer from British Columbia, Canada, for Evidence of *Anaplasma* spp. and *Ehrlichia* spp. **Transboundary and emerging diseases,** 59:233-243.

Lopes, L. C. (2013) **Hemoparasitoses em animais de companhia: erliquiose, babesiose e micoplasmose. Estudo de casos clínicos**. 116 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, Vila Real.

Louw, M.; Allsopp, M. T.; Meyer, E. C. (2005) *Ehrlichia ruminantium*, an emerging human pathogen - a further report. **South Africa Medical Journal**, 95:948.

Machado, R. Z.; Duarte, J. M. B.; Dadnone, A. S.; Szabó, M. P. J. (2006) Detection of *Ehrlichia chaffeensis* in Brazilian marsh deer (*Blastocerus dichotomus*). **Veterinary Parasitology,** 139:262–266.

Machado, R. Z.; Teixeira, M. M. G.; Rodrigues, A. C.; André, M. R.; Gonçalves, L. R.; Da Silva, J. B.; Pereira, C. L. (2016) Molecular diagnosis and genetic diversity of tick-borne Anaplasmataceae agentes infecting the African buffalo *Syncerus caffer* from Marromeu Reserve in Mozambique. **Parasites & Vectors**, 9(454).

Macleod, J.; Gordon, W. S. (1933) Studies in tick-borne fever of sheep. I.Transmission by the tick, *Ixodes ricinus*, with a description of the disease produced. **Parasitology**, 25:273–283.

Madsen, O.; Scally, M.; Douady, C. J.; Kao, D. J.; Debry, R. W.; Adkins, R.; Amrine, H. M.; Stanhope, M. J.; De Jong, W. W.; Springer, M. S. (2001) Parallel adptative radiations in two major clades of placental. **Nature**, 409:610-614,.

Maggi, R.; Breitschwerdt, E. B.; Qurollo, B.; Miller, J. C. (2021) Development of a Multiplex Droplet Digital PCR Assay for the Detection of *Babesia*, *Bartonella*, and *Borrelia* Species. **Pathogens,** 10:1462.

Maillard, J. C.; Maillard, N. (1998) Historique du peuplement bovin et de l'introduction de la tique *Amblyomma variegatum* dans les îles françaises des Antilles: Synthèse bibliographique **Ethnozootechnie**, 1:19-36.

Margileth, A. M.; Baehren. D. F. (1998) Chest-Wall Abscess Due to Cat-Scratch Disease (CSD) in an Adult with Antibodies to *Bartonella clarridgeiae*: Case Report and Review of the Thoracopulmonary Manifestations of CSD. **Clinical Infectious Diseases**, 27:353–357.

Martins, A. B., da Silva, K. F. M., Fialho, M. S. Miranda, F. R. (2015). Avaliação do Risco de Extinção dos Xenartros Brasileiros. **Série Estado de Conservação da Fauna Brasileira** - Nº 2 editor Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – Brasília.

Matsumoto, K.; Takeuchi, T.; Yokoyama, N.; Katagiri, Y.; Ooshiro, M.; Zakimi, S.; Gaowa, Kawamori, F.; Ohashi, N.; Inokuma, H. (2011) Detection of the new *Ehrlichia* species closely related to Ehrlichia ewingii from Haemaphysalis longicornis in Yonaguni Island, Okinawa, Japan. **Journal of Veterinary Medical Science**, 73:1485-1488.

Mcdonough, C. M.; Loughry, W. J. (2001) Armadillos. In: Macdonald, D, editor. The new encyclopedia of mammals. Oxford: Oxford University Press. p. 796-799.

Mckenna, M. C.; Bell, S. K. (1997) Classification of mammals above the species level. Columbia University Press. New York, p. 640.

Medri, I. M.; Mourão, G. M.; Rodrigues, F. H. G. (2011) Ordem Pilosa. In: Reis, N.R., Paracchi, A.L., Pedro, W.A., Lima, I.P. (Eds) Mamíferos do Brasil, 2ª ed. Londrina, Brasil. p. 91-106.

Mendel, F. C. (1985) Adaptations for Suspensory Behavior in the Limbs of Two - Toed Sloths. p. 151 – 162. In: Montgomery, G. G. (Ed). The Evolution and Ecology of Armadillos, Sloths, and Vermilinguas. Washington and London: Smithsonian Institution Press, p. 451.

Messick, J. B. (2004) Hemotrophic mycoplasmas (hemoplasmas): a review and new insights into pathogenic potential. **Veterinary clinical pathology**, 33:2–13.

Millán, J.; Di Cataldo, S.; Volokhov, D. V.; Becker, D. J. (2020) Worldwide occurrence of haemoplasmas in wildlife: Insights into the patterns of infection, transmission, pathology and zoonotic potential. **Transboundary and emerging diseases**, 68: 3236-3256.

Miranda, F. R.; Correa, S. R.; Dias, C. J. L. (2004) Retrospective study of causes of death in giant anteaters (*Myrmecophaga tridactyla*) at Fundação Parque Zoológico de São Paulo (FPZSP) – from 1964 to 2003. In: **2004 Proceedings AAZV Conference**, 601. San Diego, CA.

Miranda, F.; Bertassoni, A.; Abba, A. M. (2014) *Myrmecophaga tridactyla*. The IUCN The Red List of Threatened Species. Disponível em: <://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2014-1.RLTS.T14224A47441961.en. > acessado janeiro de 2024.

Mongruel, A. C. B.; Medici, E. P.; Canena, A. C.; Calchi, A. C.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2022) Expanding the Universe of Hemoplasmas: Multi-Locus Sequencing Reveals Putative Novel Hemoplasmas in Lowland Tapirs (*Tapirus terrestris*), the Largest Land Mammals in Brazil. **Microorganisms**, 10(3).

Montgomery, G. G; Sunquist, M. E. (1975) Impact of sloths on Neotropical forest energy flow and nutrient cycling. In: Golley FB, Medina E. Tropical Ecology Systems: **Trends in Terrestrial and Aquatic Research**. Berlin: Springer-Verlog, p.69-98.

Moraes-Filho, J.; Krawczak, F. S.; Costa, F. B.; Soares, J. F.; Labruna, M. B. (2015) Comparative evaluation of the vector competence of four South American populations of the *Rhipicephalus sanguineus* group for the bacterium *Ehrlichia canis*, the agent of canine monocytic ehrlichiosis. **PLoS One**, 10.

Mullins, K. E.; Hang, J.; Jiang, J.; Leguia, M.; Kasper, M. R.; Ventosilla, P.; Maguiña, C.; Jarman, R. G.; Blazes, D.; Richards, A. L. (2015) Description of *Bartonella ancashensis* sp. nov., isolated from the blood of two patients with verruga peruana. **International Journal of Systematic and Evulutonary Microbiology**, 65(10).

Nair, A. S.; Ravindran, R.; Lakshmanan, B.; Sreekumar, C.; Kumar, S. S.; Raju, R.; Tresamol, P. V.; Vimalkumar, M. B.; Saseendranath, M. R. (2013) Bovine carriers of *Anaplasma marginale* and *Anaplasma bovis* in South India. **Tropical Biomedicine**, 30:105–112.

Ndip, L. M.; Ndip, R. N.; Esemu, S. N.; Walker, D. H.; Mcbride, J. W. (2010) Predominance of *Ehrlichia chaffeensis* in *Rhipicephalus sanguineus* ticks from kennel-confined dogs in Limbe, Cameroon. **Experimental and Applied Acarology,** 50: 163–168.

Ndip, L. M.; Ndip, R. N.; Ndive, V. E.; Awuh, J. A.; Walker, D. H.; Mcbride, J. W. (2007) *Ehrlichia* species in *Rhipicephalus sanguineus* ticks in Cameroon. **Vector Borne and Zoonotic Diseases**, 7:221–227.

Neimark, H.; Johansson, K. E.; Rikihisa, Y.; Tully, J. G. (2001) Proposal to transfer some members of the genera *Haemobartonella* and *Eperythrozoon* to the genus *Mycoplasma* with descriptions of "*Candidatus* Mycoplasma haemofelis", "*Candidatus* Mycoplasma haemomuris", "*Candidatus* Mycoplasma haemosuis" and "*Candidatus* Mycoplasma wenyonii". **International journal of systematic and evolutionary microbiology**, 51(3).

Nicholson, W. L. (2018) **Family Anaplasmataceae (Anaplasmosis, Ehrlichiosis, Neorickettsiosis, and Neoehrlichiosis),** 5th ed.; Elsevier Inc.: Amsterdam, The Netherlands.

Novacek, M. J. (1992) Mammalian phylogeny: shaking the tree. **Nature**, 356:121-125.

Nowak, R. M. (1999) Walker´s mammals of the world Sixth edition, The Johns Hopkins University Press, Baltimore and London, p. 147-168.

Ojeda-Chi, M. M.; Rodriguez-Vivas, R. I.; Esteve-Gasent, M. D.; De León, A. P.; Modarelli, J. J.; Villegas-Perez, S. (2019) Molecular detection of rickettsial tick-borne agents in whitetailed deer (*Odocoileus virginianus yucatanensis*), mazama deer (*Mazama temama*), and the ticks they host in Yucatan, Mexico. **Ticks and Tick-borne Diseases,** 10:365- 370.

Okaro, U.; Addisu, A.; Casanas, B.; Anderson, B. (2017) *Bartonella* Species, an Emerging Cause of Blood-Culture-Negative Endocarditis. **Clinical Microbiology Reviews**, 30:709-746.

Ooshiro, M.; Zakimi, S.; Matsukawa, Y.; Katagiri, Y.; Inokuma, H. (2008) Detection of *Anaplasma bovis* and *Anaplasma phagocytophilum* from cattle on Yonaguni Island, Okinawa, Japan. **Veterinary Parasitology,** 154:360-364.

Oren, A.; Garrity, G.; Parker, C.; Chuvochina, M.; Trujillo, M. (2020) Lists of names of prokaryotic Candidatus taxa. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 70(7).

Ouass, S.; Boulanger, N.; Lelouvier, B.; Insonere, J.L.M.; Lacroux, C.; Krief, S.; Asalu, E.; Rahola, N.; Duron, O. (2023) Diversity and phylogeny of the tick-borne bacterial genus *Candidatus* Allocryptoplasma (Anaplasmataceae). **Parasite,** 30(13).

Palomar, A. M.; Portillo, A.; Santibáñez, P.; Mazuelas, D.; Roncero, L.; García-Álvarez L.; Santibáñez, S.; Gutiérrez, Ó.; Oteo, J. Á. (2015) Detection of tick-borne *Anaplasma bovis*, *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma centrale* in Spain. **Medical and Veterinary Entomology,** 29:349-353.

Parola, P.; Cornet, J. P.; Sanogo, Y. O.; Miller, R. S.; Thien, H. V.; Gonzalez, J. P.; Raoult, D.; Telford, S. R.; Wongsrichanalai, C. (2003) Detection of *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp., *Rickettsia* spp., and other eubacteria in ticks from the Thai-Myanmar border and Vietnam. **Journal of Clinical Microbiology,** 41:1600–1608.

Paulauskas, A.; Radzijevskaja, J.; Rosef, O. (2012) Molecular detection and characterization of *Anaplasma phagocytophilum* strains. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases,** 35:187–195.

Peng, Y.; Wang, K.; Zhao, S.; Yan, Y.; Wang, H.; Jing, J.; Jian, F.; Wang, R.; Zhang, L.; Ning, C. (2018) Detection and phylogenetic characterization of *Anaplasma capra*: an emerging pathogen in sheep and goats in China. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, 8(283).

Perez, M.; Bodor, M.; Zhang, C.; Xiong, Q.; Rikihisa, Y. (2006) Human infection with *Ehrlichia canis* accompanied by clinical signs in Venezuela. **Annals of the New York Academy of Sciences,** 1078:110-117.

Perles, L.; Barreto, W. T. G.; Santos, F. M.; Duarte, L. L.; De Macedo, G. C.; Barros-Battesti, D. M.; Herrera, H. M.; Machado, R. Z.; André, M. R. (2023) Molecular Survey of Hemotropic *Mycoplasma* spp. and *Bartonella* spp. in Coatis (*Nasua nasua*) from Central-Western Brazil. **Pathogens**, 12(4).

Perles, L.; Moraes, M. F.; Xavier Da Silva, M.; Vieira, R. F. C.; Machado, R. Z.; Lux Hoppe, E. G.; André, M. R. (2023) Co-infection by multiple vector-borne agents in wild ring-tailed coatis (*Nasua nasua*) from Iguaçu National Park, southern Brazil. **Scientific Reports,** 13:1828.

Perles, L.; Herrera, H.M.; Barreto, W.T.G.; de Macedo, G.C.; Calchi, A.C.; Machado, R.Z.; André, M.R. (2022) Multi-locus sequencing reveals putative novel Anaplasmataceae agents, '*Candidatus* Ehrlichia dumleri' and *Anaplasma* sp., in ring-tailed coatis (Carnivora: Nasua nasua) from urban forested fragments at Midwestern Brazil. **Microorganisms** 10(12), 2379.

Philip, C.B. (1974) Tribe I.I. Ehrlichieae Philip 1957. In: BUCHANAN, R.E., Gibbons, N.E. (Eds.), Bergey's Manual of Determinative Bacteriology, eighth ed. The Williams and Wilkins Company, Baltimore, MD, p. 893–897.

Pitassi, L. H. U.; Diniz, P. P. V. De P.; Escorpião, D. G.; Drummond, M. R.; Lania, B. G.; Castro, M. L. B.; Gilioli, R.; Colombo, S.; Sowy, S.; Breitschwerdt, E. B.; Nicholson, W. L..; Velho, P. E. N. F. (2015) *Bartonela* spp. Bacteremia in blood donos from Campinas, Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, 9(1).

Pontarolo, G. H.; Kühl, L. F.; Pedrassani, D.; Campos, M.; Figueiredo, F. B.; Valente, J. D. M.; Gonçalves, L. R.; André, M. R.; Vieira, T. S. W. J.; Vieira, R. F. C.; Filho, I. R. B. (2021) '*Candidatus* Mycoplasma haemoalbiventris', a novel hemoplasma species in white-eared opossums (*Didelphis albiventris*) from Brazil. **Transboundary and emerging diseases**, 68:565-572.

Potgieter, F. T.; Van Rensburg, L. (1987) Tick transmission of *Anaplasma centrale*. **Onderstepoort Journal of Veterinary Research**, 54:5-7.

Pritt, B. S.; Sloan, L. M.; Johnson, D. K. H.; Munderloh, U. G.; Paskewitz, S. M.; Mcelroy, K. M.; Mcfadden, J. D.; Eremeeva, M. A. (2011) Emergence of a new pathogenic *Ehrlichia* species, Wisconsin and Minnesota, 2009. **The New England Journal of Medicine,** 365:422– 429.

Prullage, J. B.; Williams, R. E.; Gaafar, S. M. (1993) On the transmissibility of *Eperythrozoon suis* by *Stomoxys calcitrans* and *Aedes aegypti*. **Veterinary Parasitology**, 50:125-135.

Queiroz, H. L. (1995) **Preguiças e guaribas: os mamíferos folívoros arborícolas do Mamirauá**. Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Diretoria de Unidades de Pesquisa, p. 160.

Qurollo, B. A.; Balakrishnan, N.; Cannon, C. Z.; Maggi, R. G.; Breitschwerdt, E. B.; Zegre, C. (2014) Co-infection with *Anaplasma platys*, *Bartonella henselae, Bartonella koehlerae* and '*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" in a cat diagnosed with splenic plasmacytosis and multiple myeloma. **Journal of Feline Medicine and Surgery**, 16:713–720.

Raoult, D.; Roblot, F.; Rolain, J. M.; Besnier, J. M.; Loulergue, J.; Bastides, F.; Choutet, P. (2006) First Isolation of *Bartonella alsatica* from a Valve of a Patient with Endocarditis. **Journal of Clinical Microbiology**, 44(1).

Rar, V.; Golovljova, I. (2011) *Anaplasma*, *Ehrlichia*, and "*Candidatus* Neoehrlichia" bacteria: pathogenicity, biodiversity, and molecular genetic characteristics, a review. **Infection, Genetics and Evolution,** 11:42-1861.

Redford, K. H; Wetzel, R. M. (1985) *Euphractus sexcinctus*. Mammalian Species. 252:1- 4.

Regnery, R. L.; Anderson, B. E.; Clarridge, J. E.; Rodriguez-Barradas, M. C.; Jones, D. C.; Carr, J. H. (1992) Characterization of a novel *Rochalimaea* species, *R. henselae* sp. nov., isolated from blood of a febrile, human immunodeficiency virus-positive patient. **Journal of Clinical Microbiology**, 30(2).

Rehman, A.; Conraths, F. J.; Sauter-Louis, C.; Krücken, J.; Nijhof, A. M. (2019) Epidemiology of tick-borne pathogens in the semi-arid and the arid agro-ecological zones of Punjab province, Pakistan. **Transboundary and Emerging Diseases,** 66:526-536.

Renneker, S.; Abdo, J.; Salih, D. E. A.; Karagenç, T.; Bilgiç, H.; Torina, A.; Oliva, A. G.; Campos, J.; Kullmann, B. (2013) Can *Anaplasma ovis* in Small Ruminants be Neglected any Longer? **Transboundary and emerging diseases**, 60:105 - 112.

Rikihisa, Y. (1991) The tribe Ehrlichieae and ehrlichial diseases. **Clinical microbiology Reviews**. 4: 286–308.

Rodrigues, F. H. G.; Medri, I. M.; De Miranda, G. H. B.; Camilo-Alves, C.; Mourão, G. (2008) Anteater behavior and ecology. 257–268 in **The biology of the Xenarthra** (S.F. Vizcaíno & W.J. Loughry, eds.). University Press of Florida, Gainesville.

Rolain, J. M.; Brouqui, P.; Koehler, J. E.; Maguina, C.; Dolan, M. J.; Raoult, D. (2004) Recommendations for treatment of human infections caused by *Bartonella* species. **Antimicrobial Agents Chemotherapy**, v. 48, n. 6, p. 1921-1933.

Roux, V.; Eykyn, S. J.; Wyllie, S.; Raoult, D. (2000) *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* as an Agent of Afebrile Blood Culture-Negative Endocarditis in a Human. **Journal of Clinical Microbiology**, 38(4).

Santos, A. S.; Santos-Silva, M. M.; Almeida, V. C.; Bacellar, F.; Dumler, J. S. (2004) Detection of *Anaplasma phagocytophilum* DNA in Ixodes ticks (Acari: Ixodidae) from Madeira Island and Setubal district, mainland Portugal. **Emerging Infectious Diseases**, 10:1643–1648.

Sasaki, Y.; Ishikawa, J.; Yamashita, A.; Oshima, K.; Kenri, T.; Furuya, K.; Yoshino, C.; Horino, A.; Shiba, T.; Sasaki, T.; Hattori, M. (2002) The complete genomic sequence of *Mycoplasma penetrans*, an intracellular bacterial pathogen in humans. **Nucleic Acids Research**., 30: 5293-5300.

Sashika, M.; Abe, G.; Matsumoto, K.; Inokuma, H. (2001) Molecular survey of *Anaplasma* and *Ehrlichia* infections of feral raccoons (*Procyon lotor*) in Hokkaido, Japan. **Vector Borne and Zoonotic Diseases,** 11:349-354.

Selmi, R.; Said, M. B.; Dhibi, M.; Yahia, H. B.; Messadi, L. (2019) Improving specific detection and updating phylogenetic data related to *Anaplasma platys*-like strains infecting camels (*Camelus dromedarius*) and their ticks. **Ticks and Tick Borne Disases**, 10(6).

Shaw, J. H.; Carter, T. S. (1980) Giant anteaters – Getting too close to this toothless creature could result in a fatal embrace. **Natural History**, 89:6267.

Shi, K.; Li, J.; Yan, Y.; Chen, Q.; Wang, K.; Zhou, Y.; Li, D.; Yuancai Chen, Y.; Yu, F.; Peng, Y.; Zhang, L.; Ning, C. (2019) Dogs as new hosts for the emerging zoonotic pathogen *Anaplasma capra* in China. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, 9(394).

Shi, Y.; Yang, J.; Guan, G.; Liu, Z.; Luo, J.; Song, M. (2020) Molecular investigation of *Anaplasma* species in sheep from Heilongjiang Province, northeast China identified four *Anaplasma* species and a novel genotype of *Anaplasma capra*. **Parasitology International**, 76.

Silaghi, C.; Santos, A. S.; Gomes, J.; Christova, I.; Matei, I. A.; Walder, G.; Domingos, A.; Bell-Sakyi, L.; Sprong, H.; Von Loewenich, F. D.; Oteo, J. A.; La Fuente, J.; Dumler, J. S. (2017) Guidelines for the direct detection of *Anaplasma* spp. in diagnosis and epidemiological studies. **Vector Borne and Zoonotic Diseases,** 17:12– 22.

Silva, S., Santos, P., Molina, K., Lopes, A., Braga, F., Ohana, A., Miranda, F., & Bertassoni, A. (2020). Incêndios contra a sobrevivência de Xenarthra: tamanduás,

tatus e preguiças. **Boletim Do Museu Paraense Emílio Goeldi - Ciências Naturais**, 15:523-532.

Silveira, J. A.; Rabelo, E. M.; Ribeiro, M. F. (2012) Molecular detection of tickborne pathogens of the family Anaplasmataceae in Brazilian Brown Brocket Deer (*Mazama gouazoubira*, Fischer, 1814) and Marsh Deer (*Blastocerus dichotomus*, Illiger, 1815). **Transboundary and Emerging Diseases**, 59:353-360.

Simpson, R. M.; Gaunt, S. D.; Hair, J. A.; Kocan, K. M.; Henk, W. G.; Casey, H. W. (1991) Evaluation of *Rhipicephalus sanguineus* as a potential biologic vector of *Ehrlichia platys.* **American Journal of Veterinary Research**, 52:1537-1541.

Šlapeta, J.; Chandra, S.; Halliday, B. (2021) The “tropical lineage” of the brown dog tick *Rhipicephalus sanguineus* sensu lato identified as *Rhipicephalus linnaei* (Audouin, 1826). **International Journal for Parasitology,** 51:431-436.

Snellgrove, A. N.; Krapiunaya, I.; Ford, S. L.; Stanley, H. M.; Wickson, A. G.; Hartzer, K. L.; Levin, M. L. (2020) Vector competence of *Rhipicephalus sanguineus* sensu stricto for *Anaplasma platys.* **Ticks and Tick-borne Diseases**, v. 11(6).

Soares, H, S.; Marcili, A.; Barbieri, A. R. M.; Minervino, A. H. H.; Malheiros, A. F.; Gennari, S. M.; Labruna, M. B. (2017) Novel *Anaplasma* and *Ehrlichia* organisms infecting the wildlife of two regions of the Brazilian Amazon. **Acta Tropica**, 174:82-87.

Staggemeier, R.; Venker, C. A.; Klein, D. H.; Petry, M.; Spilki, F. R.; Cantarelli, V. V. (2010) Prevalence of *Bartonella henselae* and *Bartonella clarridgeiae* in cats in the south of Brazil: a molecular study. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, 105:873–878.

Stoffregen, W. C.; Alt, D. P.; Palmer, M. V.; Olsen, S. C.; Waters, W. R.; Stasko, J. A. (2006) Identification of haemycoplasma species in anemic reindeer (*Rangifer tarandus*). **Journal of Wildlife Diseases**, 42:249-258.

Stuen, S.; Granquist, E. G.; Silaghi, C. (2013) *Anaplasma phagocytophilum* a widespread multi-host pathogen with highly adaptive strategies. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology,** 22:3-31.

Sun, X. F.; Zhao, L.; Wen, H. L.; Luo, L. M.; Yu, X. J. (2015) *Anaplasma* species in China. **The Lancet Infectious Diseases**, 15:1263-1264.

Superina, M.; Miranda, F. R.; Aba, A. (2010) The 2010 Anteater Red List Assessment. Edentata, 11:96.

Superina, M.; Miranda, F.; Plese, T.; Vizcaino, S. F.; Loughry, W. J. (2008) Maintenance of Xenarthra in captivity. 232-243 in: The Biology of the Xenarthra (S. Loughr, eds.) University Press of Florida, Gainesville.

Sykes, J. E. (2010) Feline hemotropic mycoplasmas. The Veterinary clinics of North America. **Small animal practice**, 40:1157–70.

Tabara, K.; Arai, S.; Kawabuchi, T.; Itagaki, A.; Ishihara, C.; Satoh, H.; Okabe, N.; Tsuji, M. (2007) Molecular survey of *Babesia microti*, *Ehrlichia* species and *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis in wild rodents from Shimane Prefecture, Japan. **Microbiology and Immunology**, 51:359–367.

Taroura, S.; Shimada, Y.; Sakata, Y.; Miyama, T.; Hiraoka, H.; Watanabe, M.; Itamoto, K.; Okuda, M.; Inokuma, H. (2005) Detection of DNA of "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" and *Spiroplasma* sp. in unfed ticks collected from vegetation in Japan. **Journal of veterinary medical science**, 67:1277-1279.

Tate, C. M.; Howeth, E. W.; Mead, D. G.; Dugan, V. G.; Luttrell, M. P.; Sahora, A. I.; Munderloh, U. G.; Davidson, W. R.; Yabsley, M. J. (2013) *Anaplasma odocoilei* sp. nov. (family Anaplasmataceae) from white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). **Ticks and Tick-borne Diseases,** 4:110-119.

Teshale, S.; Geysen, D.; Ameni, G.; Asfaw, Y.; Berkvens, D. (2015) Improved molecular detection of *Ehrlichia* and *Anaplasma* species applied to *Amblyomma* ticks collected from cattle and sheep in Ethiopia. **Ticks and Tick Borne Diseases,** 6:1-7.

Theiler, A. (1910) *Anaplasma marginale* (gen. and spec. nov). The marginal points in the blood of cattle suffering from a specific disease In: Theiler A (Ed.) Report of the Government on Veterinary Bacteriology in Transvaal. Department of Agriculture, South Africa, 1908–1909 p. 7–64.

Theiler, A. (1911) Further investigations into anaplasmosis of South African cattle. In: First Report of the Director of Veterinary Research, Union of South Africa, pp. 7– 46.

Thomas, R. J.; Dumler, J. S.; Carlyon, J. A. (2009) Current management of human granulocytic anaplasmosis, human monocytic ehrlichiosis and *Ehrlichia ewingii* ehrlichiosis. **Expert Review of Anti-infective Therapy,** 7:709–722.

Tomanović, S.; Chochlakis, D.; Radulovic, Z.; Milutinovic, M.; Cakic, S.; Mihaljica, D.; Tselentis, Y.; Psaroulaki, A. (2013) Analysis of pathogen co-occurrence in hostseeking adult hard ticks from Serbia. **Experimental and Applied Acarology**, 59:367–376.

Tomassone, L.; Nunez, P.; Gurtler, R. E.; Ceballos, L. A.; Orozco, M. M.; Kitron, U. D.; Farber, M. (2008) Molecular detection of *Ehrlichia chaffeensis* in *Amblyomma parvum* ticks, Argentina. **Emerging and Infectious Diseases**, 14:1953–1955.

Trout, R. T. F.; Hendricks, B. M.; Pompo, K.; Mays, S. E.; Paulsen, D. J.; Operario, D. J.; Houston, A. E. (2017) Investigating the Adult Ixodid Tick Populations and Their Associated *Anaplasma, Ehrlichia*, and *Rickettsia* Bacteria at a Rocky

Mountain Spotted Fever Hotspot in Western Tennessee. **Vector Borne and Zoonotic Diseases**, 17:527-538.

Tully, J. G.; Bove, J. M.; Laigret, F.; Whiscomb, R. F. (1993) Revised taxonomy of the class Mollicutes: proposed elevation of a monophyletic cluster of arthropod-associated mollicutes to the ordinal rank (Entomoplasmatales ord. nov.), with provision for familial rank to separate species with nonhelical morphology (Entoplasmataceae farm. nov.) from helical species (Spiroplasmataceae), and emended descriptions of the order Mycoplasmatales, family Mycoplasmataceae. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, 43:378-385.

Ueti, M. W.; Knowles, D. P.; Davitt, C. M.; Scoles, G. A.; Baszler, T. V.; Palmer, G. H. (2009) Quantitative differences in salivary pathogen load during tick transmission underlie strainspecific variation in transmission efficiency of *Anaplasma marginale*. **Infection and Immunity**, 77:70–75.

Uilenberg, G. (1993) Other ehrlichioses of ruminants. In: Woldenhiwet, Z., Ristic, M. (Eds.), Rickettsial and Chlamydial Diseases of Domestic Animals. Pergamon Press, Elmsford, N.Y, p. 269–279.

Van Dijk, M. A. M.; Paradis, E.; Catzeflis, F.; De Jong, W. W. (1999) The virtues of gaps: xenarthran (Edentate) monophyly supported by a unique deletion in alpha A-Crystallin. **Systematic Biology**, 48:94-106.

Vanstreels, R. E. T.; Yabsley, M. J.; Parsons, N. J.; Swanepoel, L.; Pistorius, P. A. (2018) A novel candidate species of *Anaplasma* that infects avian erythrocytes. **Parasites & Vectors,** 11(525).

Vidal, R. A. C. (2013) **Rastreio de agentes de doenças caninas de transmissão vectorial numa população de cães com funções militares policiais**. 94 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Técnica de Lisboa, Faculdade de Medicina Veterinária, Lisboa.

Vieira, R. F. C.; Santos, N. J. R.; Valente, J. D. M.; Santos, L. P.; Lange, R. R.; Duque, J. C. M.; Ferrari, M. V.; Barros Filho, I. R.; Collere, F. C. M.; Ferrrari, L. D. R.; Gonçalves, L. R.; Sanches, G. S.; André, M. R.; Vieira, T. S. W. J. (2021) '*Candidatus* Mycoplasma haematohydrochoerus', a novel hemoplasma species in capybaras (*Hydrochoerus hydrochaeris*) from Brazil. **Infection, Genetics and Evolution**, 93(104988).

Villar, M.; López, V.; Ayllón, N.; Cabezas-Cruz, A. López, J. A, Vázquez, J.; Alberdi, P. De La Fuente, J. (2016) The intracellular bacterium *Anaplasma phagocytophilum* selectively manipulates the levels of vertebrate host proteins in the tick vector *Ixodes scapularis*. **Parasitic & Vectors,** 9:1-17.

Volokhov, D.; Simonyan, V.; Davidson, M.; Chizhikov, V. (2012) RNA polymerase beta subunit (*rpoB*) gene and the 16S–23S rRNA intergenic transcribed spacer region (ITS) as complementary molecular markers in addition to the 16S rRNA gene for phylogenetic analysis and identification of the species of the family Mycoplasmataceae. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 62:515–528.

Walker, D. H.; Ismail, N.; Olano, J. P.; Mcbride, J. W.; Yu, X. J.; Feng, H. M. (2004) *Ehrlichia chaffeensis*: a prevalent, life-threatening, emerging pathogen. **Transactions of the American Clinical and Climatological Association,** 115:375–384.

Walker, R.L. (2003) Mollicutes. In: Hirsh, D. C. & Chung, Y. editors. Microbiologia veterinária. 2 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan.

Wen, B.; Cao, W.; Pan, H. (2003) Ehrlichiae and ehrlichial diseases in China. **Annals of the New York Academy of Sciences,** 990:45–53.

Wetzel, R. M. (1985a) Taxonomy and distribution of armadillos, Dasypodidae, 23-46. In: The evolution and ecology of armadillos, sloths and vermilinguas, Smithisonian Institution Press, Washington and London, p. 451.

Wetzel, R. M. (1985b) The identification and distribution of recent Xenarthra (= Edentata). In: Montgomery, GG. (ed.) The evolution and ecology of armadillos, sloths and vermilinguas. Washington, London: Smithsonian Institution Press.

Woldehiwet, Z. (2010) The natural history of *Anaplasma phagocytophilum*. **Veterinary Parasitology,** 167:108-122.

Woods, J. E.; Brewer, M. M.; Hawley, J. R.; Wisnewski, N.; Lappin, M. R. (2005) Evaluation of experimental transmission of "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" and *Mycoplasma haemofelis* by *Ctenocephalides felis* to cats. **American Journal of Veterinary Research**, 66:1008–1012.

Woods, J. E.; Wisnewski, N.; Lappin, M. R. (2006) Attempted transmission of "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" and *Mycoplasma haemofelis* by feeding cats infected *Ctenocephalides felis*. **American journal of veterinary research**, v. 67(3).

Wu, D.; Wuritu, Yoshikawa, Y.; Gaowa, Kawamori, F., Ikegaya, A., Ohtake, M., Ohashi, M., Shimada, M., Takada, A., Iwai, K., Ohashi, N. (2015) A molecular and serological survey of rickettsiales bacteria in Wild Sika Deer (*Cervus nippon nippon*) in Shizuoka Prefecture, Japan: high prevalence of *Anaplasma* species. **Japanese Journal of Infectious Diseases,** 68:434–437.

Yabsley, M. J.; Varela, A. S.; Tate, C. M.; Dugan, V. G.; Stallknecht, D. E.; Little, S. E.; Davidson, W. R. (2002) *Ehrlichia ewingii* infection in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). **Emerging and Infectious Diseases,** 8:668–671.

Yang, J.; Liu, Z.; Niu, Q.; Liu, J.; Han, R.; Liu, G.; Shi, Y.; Luo, J.; Yin, H. (2016) Molecular survey and characterization of a novel *Anaplasma* species closely related to *Anaplasma capra* in ticks, northwestern China. **Parasites & Vectors**, 9(603).

Yang, J.; Liu, Z.; Niu, Q.; Mukhtar, M. U.; Guan, G.; Liu, G.; Luo, J.; Yin, H. (2018) A novel genotype of "*Anaplasma capra*" in wildlife and its phylogenetic relationship with the human genotypes. **Emerging Microbes & Infections**, 7:1-4.

Ybañez, A. P.; Matsumoto, K.; Kishimoto, T.; Inokuma, H. (2012) Molecular analyses of a potentially novel *Anaplasma* species closely related to *Anaplasma phagocytophilum* detected in sika deer (*Cervus nippon yesoensis*) in Japan. **Veterinary Microbiology**, 157:232–236.

Zhou, Z.; Nie, K.; Tang, C.; Wang, Z.; Zhou, R.; Hu, S.; Zhang, Z. (2010) Phylogenetic analysis of the genus *Anaplasma* in Southwestern China based on 16S rRNA sequence. **Research in Veterinary Science,** 89:262-265.

CAPÍTULO 2: Detecção e caracterização molecular de agentes Anaplasmataceae, *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás no Brasil

Jovêncio Mateus Sada[a], Danilo Kluyber[b], Daniel Antônio Braga Lee[a], Ana Cláudia Calchi[a], Mario Henrique Alves[c], Dália Monique Ribeiro Machado[a], Karin Werther[a], Rosangela Zacarias Machado[a], Arnaud Leonard Jean Desbiez[c], Marcos Rogério André[a]*

[a]Vector-Borne Bioagents Laboratory (VBBL), Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (FCAV/UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil

[b]Ph.D Student at the Research and Development Institute IRD, Montpellier University, Montpellier France. Associate researcher Naples Zoo at the Caribbean Gardens, Florida, US

[c]Instituto de Conservação de Animais Silvestres (ICAS), Campo Grande, Mato Grosso do Sul, MS, Brasil

*** Autor correspondente:**

Prof. Dr. Marcos Rogério André, Laboratório de Imunoparasitologia, Departamento de Patologia, Reprodução e Saúde Única, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Campus de Jaboticabal, Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n, Zona Rural, CEP: 14884-900, Jaboticabal, São Paulo, Brazil. Phone: +55 (16) 3209-7302 Fax: +55 (16) 3202-4275. e-mail: mr.andre@unesp.br

Resumo

Os tatus e tamanduás apresentam uma ampla variedade de interações com diversos agentes patogênicos e ectoparasitos que, aliadas às suas características fisiológicas e ecológicas, contribuem para que se tornem potenciais hospedeiros para uma ampla variedade de agentes patogênicos. Entretanto, poucos estudos investigaram a ocorrência e diversidade de agentes transmitidos por vetores neste grupo de animais. O presente estudo objetivou investigar a ocorrência e identidade molecular de *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp., *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos (hemoplasmas) em tatus e tamanduás de vida-livre amostrados nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil. Para tal, foram analisadas 167 amostras biológicas (139 de sangue e 28 de baço) de mamíferos Xenarthra amostrados nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul: 48 de tatu-peba (*Euphractus sexcinctus*), 29 de tatu-canastra (*Priodontes maximus*), 4 de tatu-galinha (*Dasypus novemcinctus*), 1 de tatu-de-rabo-mole (*Cabassous unicinctus*), 79 de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) e 6 de tamanduá-mirim (*Tamandua tetradactyla)*. Foram realizados ensaios de PCR de triagem para *Ehrlichia* spp. com base no gene *dsb*, nested PCR para *Anaplasma* spp. e PCR para micoplasmas hemotrópicos com base no gene 16S rRNA, e de qPCR para *Bartonella* spp. com base na região intergênica 16-23S (ITS). As amostras positivas foram adicionalmente submetidas a ensaios de PCR direcionados a diferentes marcadores moleculares para caracterização molecular. 1/48 (0,59%) amostra de sangue de *E. sexcintus* foi positiva para *Anaplasma* spp. e 1/79 (0,59%) amostra de sangue de *M. tridactyla* para *Ehrlichia* spp. A sequência 16S rRNA de *Anaplasma* sp. detectada em *E. sexcintus* posicionou-se no mesmo clado de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis', previamente detectado em *T. tetradactyla*. A sequência *dsb* de *Ehrlichia* sp. detectada em *M. tridactyla* posicionou-se no mesmo clado de *Ehrlichia minasensis.* Na PCR para hemoplasmas, 31/46 (64,5%) *E. sexcinctus*, 9/29 (65,5%) *P. maximus,* 2/4 (50%) *D. novemcinctus*, 33/79 (41,7%) *M. tridactyla* e 2/6 (33,3%) *T. tetradactyla* mostraram-se positivos. As sequências 16S rRNA e 23S rRNA de hemoplasmas detectadas em *E. sexcintus* foram posicionadas no mesmo clado que '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus' previamente detectado em *P. maximus* no Brasil. Alta positividade foi também verificada para *Bartonella* spp. 23/48 (47,9%) *E. sexcinctus*, 1/4 (25%) *D.*

novemcinctus, 9/29 (31%) *P. maximus*, 21/79 (26,5%) *M. tridactyla*, e 3/6 (50%) *T. tetradactyla*. As sequências *ftsZ* de *Bartonella* sp. detectadas em *E. sexcintus* posicionaram-se juntamente com '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. Brasiliensis' previamente detectada em tatus-peba no Brasil. Os achados do presente estudo reforçam a ocorrência de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' e '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' em tatus, e *E. minasensis* em tamanduás. Trata-se do primeiro relato de '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', hemoplasma anteriormente descrito em tatus-canastra, em tatus-peba.

Palavras chaves: *Anaplasma* spp.; *Ehrlichia* spp.; Bartonellaceae; hemoplasmas; diagnóstico molecular; Xenarthra

1. Introdução

A Superordem Xenarthra engloba tatus, preguiças e tamanduás. Trata-se de um grupo monofilético, originado na América do Sul. Este grupo de mamíferos tem sofrido bastante em relação à redução de seu número e, de acordo com a lista vermelha de espécies ameaçadas da IUCN (*International Union for Conservation of Nature*), têm espécies consideradas quase ameaçadas à extinção, algumas como espécies vulneráveis e outras criticamente ameaçada (IUCN, 2023).Tais ameaças de extinção e vulnerabilidade deste grupo de animais estão relacionadas à ação humana, como caça, atropelamento nas rodovias, ataque por cães, incêndios florestais e além da perda de habitat (Klink e Machado, 2005; Martins et al., 2015; De Medeiros, 2018; Silva et al., 2020).

Mamíferos da ordem Xenarthra são hospedeiros para diversos agentes patogênicos, como bactérias e protozoários (Shaw, 1985; Mcdonough, 1997; Kluyber, 2020). Suas características fisiológicas (baixa temperatura corporal e frágil sistema imunológico) e ecológicas (hábito de viver imerso no solo e matéria orgânica, compartilhamento de tocas, particularmente para os tatus), associadas à sua distribuição em regiões tropicais e subtropicais, favorecem a dinâmica de interações entre estas espécies e diversos vertebrados, artrópodes e patógenos (Taber, 1945; Richini-Pareira et al., 2009). Neste sentido, podem atuar como reservatórios de inúmeros agentes zoonóticos, tais como *Trypanosoma cruzi*, *Leishmania* spp., *Toxoplasma gondii* e *Mycobacterum leprae* (Shaw, 1985; Kluyber, 2020). Porém, raros são os estudos que buscaram investigar a ocorrência de agentes Anaplasmataceae, Bartonellaceae e Mycoplasmataceae neste grupo de mamíferos.

A família Anaplasmataceae compreende alfa-proteobactérias Gram-negativas intracelulares obrigatórias da ordem Rickettsiales, formada pelos gêneros *Anaplasma, Ehrlichia, Neorickettsia e Wolbachia* (Dumler et al., 2001) e quatro supostos *Candidatus* (*Candidatus* Neoerhlichia, *Candidatus* Allocryptoplasma, *Candidatus* Xenohaliotis e *Candidatus* Xenolissoclinum) (Friedman et al., 2000; Tabara et al., 2007; Kwan e Schmidt, 2013; Eshoo et al., 2015; Nicholson, 2018; Ouass et al., 2023).

Tais agentes estão associados a três importantes doenças zoonóticas: erliquiose monocítica humana causada por *Ehrlichia chaffeensis*, erliquiose granulocítica por *Ehrlichia ewingii* e anaplasmose granulocítica humana por

Anaplasma phagocytophilum (Karbowiak et al., 2016), e neoerliquiose causada por *Neoehrlichia mikurensis* (Welinder-Olsson et al., 2010; Gynthersen et al., 2023).

Embora no Brasil venham sendo detectados diferentes espécies/genótipos de *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. em animais selvagens (André, 2018; 2022; Perles et al., 2023a), poucos são os estudos que investigaram a diversidade destes agentes em mamíferos da Superordem Xenarthra. Neste sentido, um novo genótipo ***dsb*** de *Ehrlichia* sp. relacionado à *E. ruminantium* foi encontrado em uma preguiça-de-três-dedos (*Bradypus tridactylus*) no estado do Pará (Soares et al., 2017). '*Candidatus* Anaplasma amazonensis' foi descrito em preguiças (*Choloepus* sp. *e Bradypus variegatus*) amostradas na região norte do Brasil, e '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' em tamanduás (*Tamandua tetradactyla*) no estado de São Paulo (Calchi et al., 2020a). Mais recentemente, Buysse et al. (2024), detectaram *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. em tatus-galinha (*Dasypus novemcinctus*) do bioma Amazônico da Guiana Francesa.

O gênero *Bartonella* (Hyphomicrobiales: Bartonellaceae) engloba cocobacilos Gram-negativos intracelulares facultativos, aeróbios fastidiosos que parasitam principalmente eritrócitos e células endoteliais de mamíferos (Birtles, 1995; Okaro et al., 2017). Atualmente o gênero *Bartonella* possui mais de 50 espécies, 6 subespécies e diversos *Candidatus* a espécies (Dos Santos, 2023). A principal forma de transmissão destes agentes ocorre por vetores artrópodes, tais como flebotomíneos (*Lutzomyia verrucarum*, *Lutzomyia peruensis*) para *Bartonella bacilliformis*, piolhos (*Pediculus humanus corporis*) para *Bartonella quintana*, pulgas (*Ctenocephalides felis*) e carrapatos (*Ixodes ricinus*) para *Bartonella henselae* (Chomel et al.,1996; Chang et al., 2001; Jacomo et al., 2002; Sanogo et al., 2003; Stevenson, et al., 2003; Cotté et al., 2008; Bouhsira et al., 2013; Ruiz, 2022). Embora diversos estudos venham identificando diferentes espécies/genótipos de *Bartonella* spp. em animais selvagens no Brasil (Do Amaral et al., 2022a,b; André et al., 2019; Ikeda et al., 2020), apenas um estudo investigou a ocorrência de tais agentes em xenarthras, com a descrição de uma possível novo agente, denominado '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' em tatus (*Euphractus sexcinctus*) e tamanduás (*Tamandua tetradactyla*) nos estados do Mato Grosso do Sul e Pará, respectivamente (Calchi et al. 2020b).

Hemoplasmas (micoplasmas hemotrópicos) compreendem bactérias epieritrocíticas do gênero *Mycoplasma* (Mycoplasmatales: Mycoplasmataceae) que podem causar diferentes graus de anemia hemolítica nos hospedeiros infectados. Acredita-se que tais agentes possam ser transmitidos através da picada de vetores hematófagos, via transplacentária, transfusão sanguínea, ou interações agressivas entre animais, tais como durante disputas por fêmeas, território ou alimento (Millán et al., 2020). Similarmente, apesar da grande diversidade de espécies ou *Candidatus* a espécies de hemoplasmas descrita em animais selvagens no Brasil (André et al., 2011; De Sousa et al., 2017; Gonçalves et al., 2015; André et al., 2020; Perles et al., 2023b; Gonçalves et al., 2020; Ikeda et al., 2023; De Mello et al., 2024; Bonato et al., 2015; Mongruel et al., 2022), apenas um estudo relatou a ocorrência de tais agentes em mamíferos da Superordem Xenarthra, com a descrição de novos '*Candidatus Mycoplasma* spp.' no Brasil: '*Candidatus* Mycoplasma haematotetradactyla', detectado em *Tamandua tetradactyla* nos estados de Mato Grosso do Sul, Pará, e Rio Grande do Sul, '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', detectado em *Priodontes maximus* no estado de Mato Grosso do Sul, e '*Candidatus* Mycoplasma haematotridactylus' detectado em *Bradypus tridactylus* no estado do Pará (De Oliveira et al., 2022).

O presente estudo objetivou investigar a ocorrência e identidade molecular de *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* spp. e hemoplasmas em tatus e tamanduás amostras nos estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Comitê de Ética

Os procedimentos e protocolos de manejo dos mamíferos Xenarthra foram previamente aprovados pelo Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (SISBIO nº 53798-18; nº27587-1) e pelo Comitê de Ética no Uso de Animais (CEUA), da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Campus de Jaboticabal (protocolo nº 1467/2024). Todos os métodos e protocolos experimentais foram realizados de acordo com as diretrizes e regulamentos do Comitê de Ética pertinente da FCAV/UNESP.

2.2. Espécies amostradas e área de estudo

Entre os anos de 2019 a 2023, foram coletadas 167 amostras biológicas (139 de sangue e 28 de baço) de mamíferos da Superordem Xenarthra (Ordens Pilosa e Cingulata) nos estados de São Paulo (SP) e Mato Grosso do Sul (MS), sendo: 48 de tatu-peba (*Euphractus sexcinctus*), 29 de tatu-canastra (*Priodontes maximus*), 4 de tatu-galinha (*Dasypus novemcinctus*), 1 tatu-de-rabo-mole (*Cabassous tatouay*) de MS, 79 de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) (77 de MS e 2 de SP), e 6 tamanduá-mirim (*Tamandua tetradactyla)* (5 de MS e 1 de SP) (**Figura 1**).

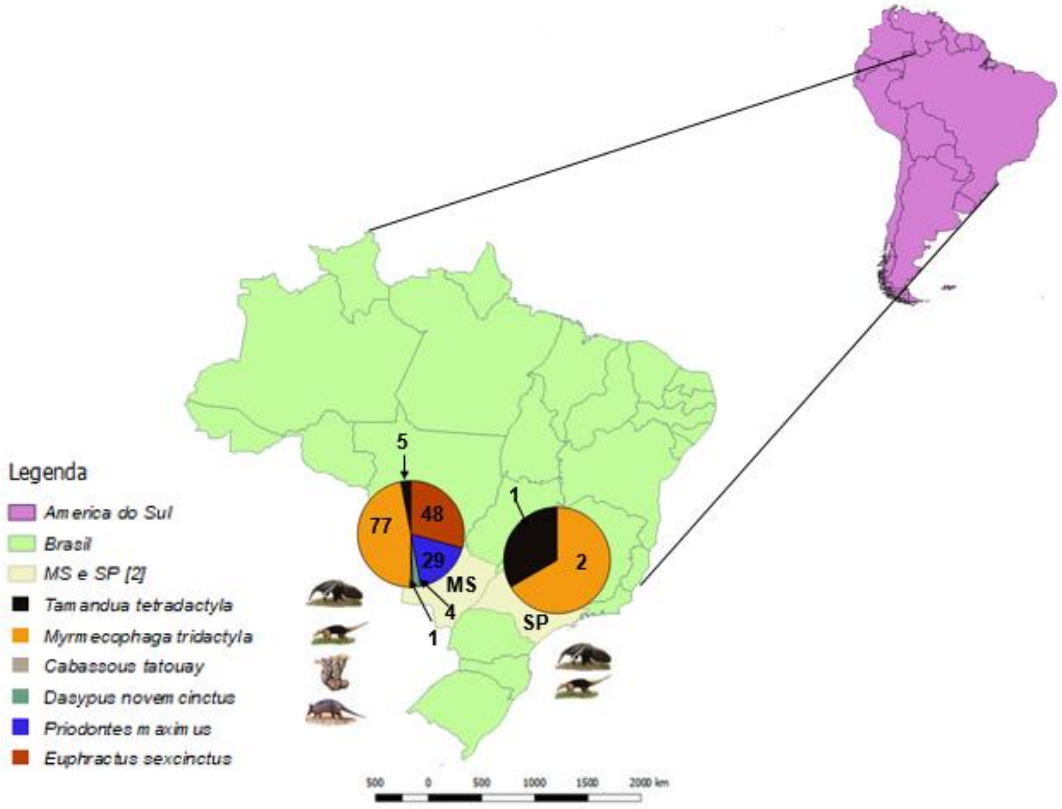


Figura 1. Número e origem de espécies de tatus e tamanduás amostrados no presente estudo.

Amostras de baço foram obtidas durante a necropsia de animais vítimas de colisão veicular em rodovias. No estado do Mato Grosso do Sul foram coletadas 25 amostras de baço (13 tamanduás-bandeira, 5 tamanduás-mirim, 3 tatus-peba, 2 tatus-galinha, 1 tatu-canastra e 1 tatu-de-rabo-mole) no bioma Cerrado pelo Projeto Bandeiras e Rodovias do Instituto de Conservação de Animais Silvestres (ICAS). Além disso, foram coletadas 139 amostras de sangue de 28 tatus-canastra, 45 tatus-peba, 2 tatus-galinha e 64 tamanduás-bandeira. Estes animais foram capturados e depois devolvidos ao mesmo local após a coleta de sangue na região de Nhecolândia, no bioma Pantanal, pelo Programa de Conservação do Tatú-Canastra, também gerido pelo ICAS, entre 2019 e 2023. Os procedimentos para captura física e imobilização química foram baseados em métodos descritos para tatus e tamanduás por Kluyber et al. (2020; 2021), respectivamente. No estado de São Paulo foram coletadas 3 amostras de baço (2 tamanduás-bandeira, 1 tamanduá-mirin) pelo Serviço de Patologia de Animais Selvagens (SEPAS) da Faculdade de Ciências Agrárias e

Veterinárias, Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP) entre os anos 2020 e 2023.

Fragmentos de baço e amostras de sangue foram armazenados em microtubos KASVI ® RNAse e DNAse-free a -70 °C até a extração do DNA.

2.3. Extração de DNA

DNA foi extraído a partir de 10 mg de cada fragmento de baço e de 200 µL de cada amostra de sangue, utilizando o Kit DNeasy Blood & Tissue (Qiagen, Valencia, CA, USA), seguindo as instruções do fabricante. Para avaliar a presença de DNA amplificável e ausência de inibidores da PCR, foi realizado um ensaio de PCR convencional (cPCR) baseado no gene endógeno de mamíferos gliceraldeído-3-fosfatodesidrogenase (*gapdh*) (Birkenheuer, et al., 2003). Igualmente quantificou-se usando o aparelho Nanodrop para averguar qualidade e pureza do DNA. As amostras positivas nesse ensaio foram submetidas a ensaios de PCR específicos para *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* spp. e hemoplasmas.

2.4. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp.

As amostras positivas nos ensaios de PCR para o gene *gapdh* foram submetidas a ensaios de PCR de triagem para *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. baseados nos genes 16S rRNA (Massung et al.,1998) e *dsb* (Almeida et al., 2013), respectivamente. Para as reações foram utilizados 5 µL de DNA, 1,25U Taq DNA Polimerase (Invitrogen®, Carlsbad, California, Estados Unidos), Tampão da PCR (PCR buffer 10 X – 100nM Tris-HCl, pH 9,0, 500 mM KCl), 0,2 mM de deoxinucleotídeos (dATP, dTTP, dCTP e dGTP) (Invitrogen®, Carlsbad, California, Estados Unidos), 1,5 mM de Cloreto de Magnésio (Invitrogen®, Carlsbad, California, Estados Unidos), 0,5 µM de cada oligonucleotídeo iniciador (Invitrogen®, Carlsbad California, Estados Unidos) e água ultra-pura esterilizada (Invitrogen®, Carlsbad, California, Estados Unidos) q.s.p. 25 µL. Nos ensaios de nested PCR, foi utilizado 1 µL do produto amplificado na primeira reação de PCR. Os oligonucleotídeos iniciadores e as sequências térmicas utilizados nos ensaios de PCR, bem como as sequências térmicas utilizadas para cada agente estão representados no **Material Suplementar Tabela SM1**. As amostras positivas nos ensaios de PCR de triagem

para *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. foram submetidas a ensaios de PCR baseados na região intergênica 23-5S rRNA (Rejmanek et al., 2012) e nos genes *gltA* (Gofton et al., 2016; Müller et al., 2018), *groEL* (Sumner et al., 1997; Zhang et al., 2016)*, msp4* (De La Fuente et al., 2007)*, msp5* (Singh et al., 2012), *omp-1* (Inayoshi et al., 2004), s*odB* (O'nion et al., 2015) e 16S rRNA (Oh et al., 2014; Greiman et al., 2014) (**Material Suplementar Tabela SM1**). DNA de *Anaplasma marginale* e da amostra Jaboticabal de *Ehrlichia canis* (mantido em cultura de células DH82) foram utilizados como controles positivos. Água esterilizada ultrapura foi utilizada como controle negativo em todos os ensaios de PCR.

2.5. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de *Bartonella* spp.

Foi realizada triagem das amostras por meio de PCR em tempo real quantitativa (qPCR) para *Bartonella* spp. baseada na região intergênica 16-23S rRNA (ITS), utilizando-se oligonucleotídeos iniciadores e sonda de hidrólise previamente descritos (Oteo et al., 2017; Breitschwerdt e Maggi, 2019). Os ensaios de amplificação foram realizados em duplicata utilizando 1,2 µM de cada primer, 1,2 µM de sonda de hidrólise, 2x de Master Mix Buffer (GoTaq ™ Probe qPCR Master Mix, Promega Corporation, Madison, EUA), 1 µL de amostra de DNA amostra e água esterilizada ultra-pura (Nuclease-Free Water, Promega Corporation, Madison, EUA) q.s.p. 10 µL. Os primers, sonda de hidrólise e condições térmicas utilizados estão apresentados no **Material Suplementar Tabela SM2**. As reações de amplificação foram conduzidas em placas de PCR de padrão baixo do tipo "multiplate unskirted" (BioRad®, Hercules, Califórnia, Estados Unidos) em aparelho termociclador CFX96 Thermal Cycler (BioRad®, Hercules, Califórnia, Estados Unidos). A curva-padrão foi realizada utilizando diluições em série de um G-Block (pIDTSMART; Integrated DNA Technologies, Coralville, IA, USA) que codifica fragmento (243 pb) da região intergênica ITS de *Bartonella henselae* strain Houston (BX897699.1). O número de cópias por microlitro foi determinado de acordo com a fórmula (X g / mL de DNA / [comprimento do G-Block em pb x 660]) x 6,022 x10^{23} cópias de plasmídeo/µL.

As amostras positivas nos ensaios de qPCR (ITS) foram submetidas a ensaios de PCR convencional baseados nos seguintes marcadores moleculares: *gltA* (380 -

400 pb) (Norman et al., 1995), *ftsZ* (515 pb) (Paziewska et al., 2011), *groEL* (752) (Paziewska et al., 2011), *nuoG* (346) (Colborn et al., 2010), *pap31 (564)* (Maggi E Breitschwerdt, 2005), *rpoB* (825 bp) (Renesto et al., 2001) e *ribC* (585 -588 pb) (Johnson et al., 2003) (**Material Suplementar Tabela SM2**). Os ensaios de cPCR foram realizados utilizando reações de volume total final de 25 µL, contendo uma mistura de 5 µL do DNA-amostra, 0,3 mM de cada deoxinucleotídeo, 0,25 µL de 30 µM de cada oligonucleotídeo iniciador (Integrated DNA Technologies®, Cedar Rapids, EUA), 3,0 mM de cloreto de magnésio, 1,25 U de Taq Platinum DNA Polimerase, tampão da PCR 10X e água ultrapura esterilizada q.s.p. (Thermofisher Scientific®, Carlsbad, California, EUA). DNA de isolado de *Bartonella henselae* (Dias et al., 2023) e água ultrapura esterilizada (Invitrogen ®, Carlsbad, CA, EUA) foram utilizados como controles positivo e negativo em todos os ensaios de PCR.

2.6. Ensaios de PCR para detecção e caracterização molecular de hemoplasmas

PCR convencional para hemoplasmas baseada no gene 16S rRNA (fragmento de 620 pb) foi utilizada como triagem (**Material Suplementar Tabela SM3**) (Maggi et al., 2013ª). As amostras positivas foram submetidas a ensaios de PCR convencional adicionais para caracterização molecular baseados nos genes 16S rRNA (Maggi et al., 2013b; Di Cataldo et al., 2020) e 23S rRNA (Mongruel et al., 2020) (**Material Suplementar Tabela SM3**). DNA de "*Candidatus* Mycoplasma haemominutum" (André et al., 2014) e água ultrapura esterilizada (Invitrogen ®, Carlsbad, CA, EUA) foram utilizados como controles positivo e negativo em todos os ensaios de PCR.

2.7. Eletroforese em gel de agarose

Os produtos amplificados nos ensaios PCR foram submetidos à eletroforese horizontal em gel de agarose a 1,0% corado com brometo de etídeo (0,5µL/mL) em tampão de corrida TEB pH 8,0 (44,58M Tris-base; 0,44M ácido bórico; 12,49mM EDTA). A eletroforese foi realizada a 90V/ 150 mA durante 60 minutos. Para a determinação dos produtos amplificados foram utilizados marcadores de peso molecular de 100 pares de base (Life Technologies®, São Paulo, SP). Os resultados foram visualizados e analisados através de um transiluminador de luz ultravioleta

acoplado a um programa computacional de análise de imagens (ChemiDoc, Bio-Rad®).

2.8. Sequenciamento

Os produtos amplificados com alta intensidade de bandas nos ensaios de cPCR foram purificados utilizando-se o kit ExoSAP-ITTM PCR Product Cleanup Reagent (Thermo Scientific, San Jose, CA, USA), de acordo com as recomendações do fabricante. O sequenciamento dos produtos amplificados foi realizado pelo método da terminação da cadeia por dideoxinucleotídeo (SANGER et al., 1977), conduzido no sequenciador ABI PRISM 3700 DNA Analyzer (Applied Biosystems®) no Centro de Recursos Biológicos e Biologia Genômica (CREBIO -FCAV - UNESP).

2.9. Análise Filogenética

O programa Phred-Phrap versão 23 (Ewing e Green, 1998; Ewing et al., 1998) foi utilizado para construção de sequências-consenso, analisando ambas as fitas "forward" e "reverse" sequenciadas da mesma amostra, respeitando-se o valor mínimo de 20 de qualidade de cada nucleotídeo para determinar a sequência de nucleotídeos. O programa BLAST (Altschul et al., 1990) foi utilizado afim de comparar as sequências obtidas com aquelas depositadas no GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank). Posteriormente, as sequências salvas em modo "FASTA" foram alinhadas com outras sequências homólogas do mesmo gene sequenciado retiradas do banco de dados (Genbank), utilizando o software Clustal/W (Thompson et al., 1994) via Bioedit v. 7.0.5.3 (Hall, 1999). Os alinhamentos salvos em modo "FASTA" foram transformados em modo Nexus, Phylip e Mega pelo site Alignment Transformation Environment (Glez-Peña et al., 2010). Foram realizadas análises de máxima verossimilhança utilizando o cluster blackbox RaxML (Stamatakis et al., 2008). O modelo evolutivo foi encontrado utilizando o software jModelTest 2 (Darriba et al., 2012). Os suportes dos clados para as análises de máxima verossimilhança foram avaliados através de análises de bootstrap (Felsenstein, 1985) de 1000 repetições. A edição das árvores filogenéticas assim como o enraizamento (via grupo externo) foi realizada utilizando o software Treegraph 2.0.56- 381 beta (Stover e Muller, 2010).

3. Resultados

Todas as 167 amostras de DNA de tatus e tamanduás mostraram-se positivas na PCR para o gene endógeno *gapdh*. Com valores médios de concentração de DNA de 9,4 ng/µL e relação 260/280 de 1,91 e desvio padrão de ± 77,62 e 5,04, respetivamente. A positividade para os agentes estudados de acordo com a espécies de tatu e tamanduá e localidade estão resumidas na **figura 7**.

3.1. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp.

Dentre as 167 amostras positivas na cPCR para o gene endógeno *gapdh*, 1 (0,59%) amostra de sangue de tatu-peba (*E. sexcinctus*) do estado do Mato Grosso do Sul mostrou-se positiva na nPCR para *Anaplasma* spp. baseada no gene 16S rRNA. Uma (0,59%) amostra de sangue de tamanduá-bandeira (*M. tridactyla)* do estado do Mato Grosso do Sul mostrou-se positiva na PCR para *Ehrlichia* spp. baseada no gene *dsb*. A amostra positiva nos ensaios de triagem para *Anaplasma* spp. foi positiva na PCR baseada no gene *gltA*, porém negativa nos ensaios de PCR baseados nos genes *msp4*, *msp5*, *groEL,* 16S rRNA e na região intergênica 23S-5S (ITS). A única amostra positiva na triagem para *Ehrlichia* spp. foi positiva na PCR baseada no gene 16S rRNA, porém negativa nos ensaios de PCR baseados nos genes *gltA*, *groEL, sodB, omp-1* e a região intergênica 23S-5S (ITS). Os resultados da análise do BLASTn das sequências 16S rRNA de *Anaplasma* sp. e *dsb* de *Ehrlichia* sp. estão mostradas na **Tabela 1**. A baixa intensidade das bandas referentes aos amplicons *gltA* de *Anaplasma* spp. e 16S rRNA de *Ehrlichia* spp. na eletroforose em gel impediu o sequenciamento de qualidade de tais amostras. As sequências de 16S rRNA e *dsb* obtidas no presente estudo foi depositada na base de dados internacional Genbank sob os seguintes números de acesso PP778302 (clone ES36) e PP932001 (clone TB39), respectivamente.

Tabela 1. Resultados do BLASTn das sequências de *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp. obtidas em ensaios de PCR baseados nos genes 16S rRNA e *dsb.*

ID/amostra biológica/ Número de acesso no Genbank	Espécie /Estado	Gene	Tamanho da sequência	Query Cover	E-value	Identidade	Hospedeiro	Resultado BLASTn	País/ Número de acesso
ES36-DC /Sangue/ PP778302	*Euphractus sexcinctus*/MS	16S rRNA	516	100%	0.0	100%	*Tamandua tetradactyla*	*Anaplasma* sp.	Brasil/ MT199830.1
TB 39 /Sangue/ PP932001	*Myrmecophaga tridactyla*/ MS	*dsb*	314	100%	3e-159	99.68%	*Basileuterus flaveolus*	*Ehrlichia* sp.	Brasil / PP417933.1
				100%	1e-157	99.36%	*Bradypus variegatus*	*Ehrlichia minasensis*	Brasil/ MT212419.1

Na análise filogenética pelo Método de Máxima Verossimilhança e modelo evolutivo GTR+I+G baseada em um alinhamento de 549 pb do gene 16S rRNA, a sequência de *Anaplasma* sp. detectada em amostra de sangue de tatu-peba (*E. sexcintus*) do presente estudo foi posicionada juntamente com sequências de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' previamente detectadas em *Tamandua* tetradactyla no estado de São Paulo, Brasil (MT199815; MT199830), com índice de suporte de clado de 89. Tais sequências posicionaram-se em um clado irmão formado por sequências de *Anaplasma* sp. previamente detectadas em quatis *Nasua nasua* (OP279731; OP279732; OM811669; OM811669) do Brasil, *Anaplasma odocoilei* previamente detectadas em cervídeos (KT870135; JX876644) e moscas *Lipoptena* sp. associadas (KT870139) nos Estados Unidos (**Figura 2**).

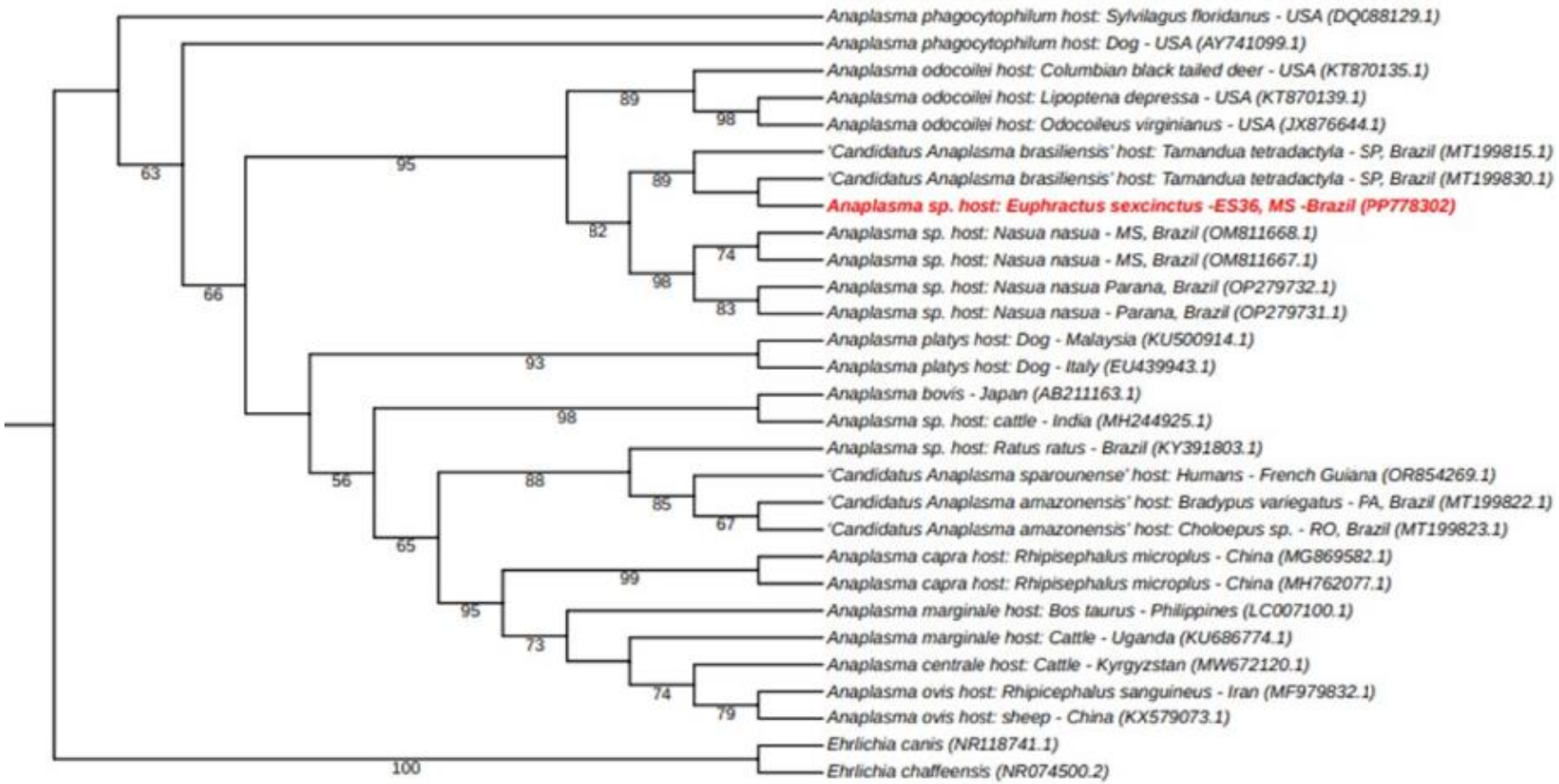


Figura 2. Árvore filogenética baseada em um alinhamento de 549 pb de sequências do gene 16S rRNA de agentes Anaplasmataceae, gerada pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) e modelo evolutivo GTR+G. A sequência obtida no presente estudo está destacada em vermelho. *Ehrlichia chaffeensis e Ehrlichia canis* foram utilizadas como grupos externos.

Na análise filogenética pelo Método de Máxima Verossimilhança e modelo evolutivo GTR+I baseada em um alinhamento de 314 pb do gene *dsb*, a sequência de *Ehrlichia* sp. obtida detectada em amostra de sangue de tamanduá-bandeira (*Myrmecophaga tridactyla*) do presente estudo posicionou-se filogeneticamente próxima à uma sequência de *Ehrlichia* sp. detectada em *Bradypus variegatus*, anteriormente identificada no estado de Rondônia, Brasil (MT212414), com índice de suporte de clados de 77. Tais sequências foram alocados em um grande clado juntamente com *Ehrlichia minasensis* e genótipos de *Ehrlichia* spp. previamente detectadas em tamanduás e preguiças da região Norte do Brasil (**Figura 3**).

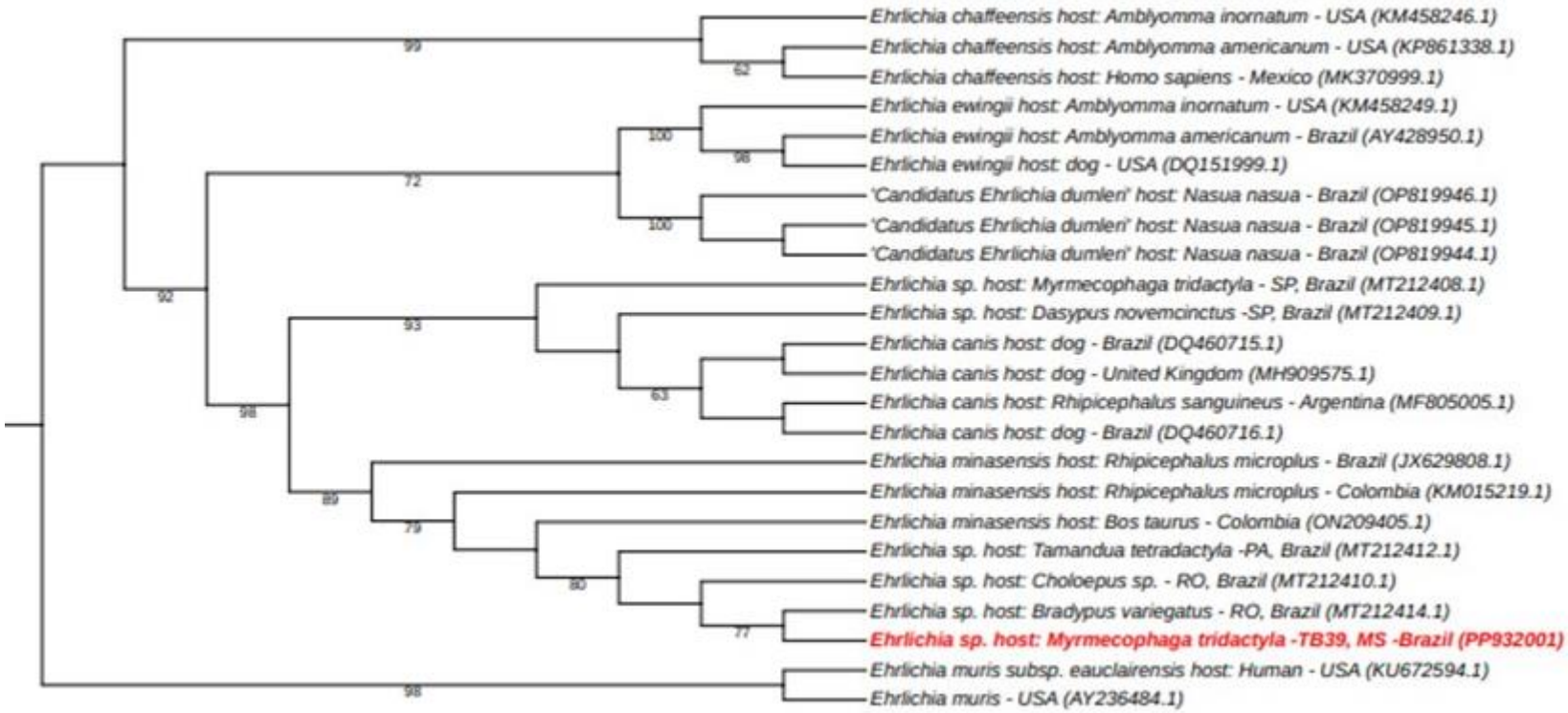


Figura 3. Árvore filogenética baseada em um alinhamento de 314 pb de sequências do gene *dsb* de *Ehrlichia* spp., gerada pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) e modelo evolutivo GTR+I. A sequência obtida no presente estudo está destacada em vermelho. *Ehrlichia muris* foi utilizado como grupo externo.

3.2. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para hemoplasmas

A PCR baseada no gene 16S rRNA (620 pb) revelou uma positividade de 52% (87/167) para hemoplasmas, dos quais 31/48 tatus-peba (*E. sexcinctus*), 2/4 tatus-galinha (*D. novemcinctus*), 19/29 tatus-canastra (*Priodontes maximus*), 32/77 tamanduás bandeira (*M. tridactyla*), 2/6 tamanduás-mirim (*T. tetradactyla*) do estado de Mato Grosso de Sul e 1/2 tamanduá-bandeira estado de São Paulo.

Das 87 amostras positivas nos ensaios de triagem de PCR para o gene 16S rRNA, 16/87 (18,39%) foram positivas na cPCR para hemoplasmas baseada no gene 16S rRNA (900 pb): 10/31 *E. sexcinctus*, 5/19 *P. maximus* e 1/6 *M. tridactyla.* Por outro lado, 32/87 (37,78 %) amostras foram positivas no ensaio de cPCR baseado no gene 23S rRNA, dentre as quais: 14/31 *E. sexcinctus*, 5/19 *P. maximus,* 2/4 *D. novemcinctus,* 9/77 *M. tridactyla* e 2/6 *T. tetradactyla.* No ensaio de semi-nested PCR baseado no gene 16S rRNA (1107 pb), 8/87 (9,19%) foram positivas: 3/31 *E. sexcinctus*, 2/19 *P. maximus,* 1/9 *D. novemcinctus,* 1/77 *M. tridactyla* e 1/6 *T. tetradactyla* (**Tabela 2**). Restrições financeiras limitaram o número de amostras enviadas ao sequenciamento. A seleção foi baseada de acordo com a espécie animal, de forma a sequenciar pelo menos um amplicon com alta intensidade de banda na eletroforese em gel de agarose de cada espécie de tatu e tamanduá.

Tabela 2. Resultados obtidos em ensaios de PCR para hemoplasmas a partir de 167 amostras biológicas de tatus e tamanduás amostrados nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil.

Espécie/Estado	**Triagem 16S rRNA (620 pb)**	**Caracterização 16S rRNA (900 pb)**	**23S rRNA (800 pb)**	**16S rRNA (1107 pb)**
Euphractus sexcinctus / MS	31/48	10/31	14/31	3/31
Priodontes maximus /MS	19/29	5/19	5/19	2/19
Dasypus novemcinctus/ MS	2/4	-	2/2	1/2
Myrmecophaga tridactyla/ MS	32/77	1/32	9/32	1/32

Myrmecophaga tridactyla/SP	½	-	-	-
Tamandua tetradactyla/MS	2/6	-	2/2	1/2

Nota: SP: São Paulo; MS: Mato Grosso de Sul; -: Negativo.

A análise pelo BLASTn das sequências 16S rRNA e 23S rRNA detectadas no presente estudo apresentaram valores de identidade variando de 94.63%-99.81% e 93.38%, respectivamente, com genótipos previamente detectados em mamíferos Xenartra do Brasil. Apenas a sequência 16S rRNA detectada em espécime de *P. maximus* (TC37) mostrou 93.05% de identidade para '*Candidatus* Mycoplasma haemominutum' previamente detectado em *Panthera pardus saxicolor* no Irã (**Tabela 3**).

Tabela 3. Resultados do BLASTn das sequências de hemoplasmas obtidas nos ensaios de cPCR baseados nos genes 16S rRNA e 23S rRNA**.**

ID/ Amostra biológica/ **Número de acesso no Genbank**	Espécie /Estado	Gene	Tamanho da sequência	Query Cover	E value	Identidade	Hospedeiro	Resultado no BLASTn	Pais/ Número de acesso
ES_02_DOC /Sangue/ PQ195671	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	534	99%	0.0	98.50%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_03_DOC /Sangue/ PQ195672	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	594	100%	0.0	96.97%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_19_DOC /Sangue/ PQ195673	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	485	100%	0.0	98.35%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_51_DOC/ Sanngue/ PQ195674	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	477	100%	0.0	98.32%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_38_DOC/ Sangue/ PQ195675	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	464	100%	0.0	98.28%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
TC37 19/11/21 /Sangue/ PQ195676	*Priodontes maximus/MS*	16S rRNA	489	99%	0.0	93.05%	*Panthera pardus saxicolor*	'*Candidatus* Mycoplasma haematominutum'	Irã / KU852586.1
TC_36_DOC_50 /Sangue/ PQ195677	*Priodontes maximus/MS*	16S rRNA	481	100%	0.0	99.58%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK093397.1
TC34 13/12/20 /Sangue/ PQ195678	*Priodontes maximus/MS*	16S rRNA	512	100%	0.0	99.80%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
NEC 91 /Baço/ PQ195679	*Dasypus novemcinctus/MS*	16S rRNA	558	100%	0.0	94.63%	*Myrmecophaga tridactyla*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OR469806.1
NEC 92 /Baço/ PQ195680	*Myrmecophaga tridactyla/MS*	16S rRNA	533	100%	0.0	99.81%	*Myrmecophaga tridactyla*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OR469806.1
NEC 108 /Baço/ PQ195681	*Tamandua tetradactyla/MS*	16S rRNA	520	100%	0.0	95.96%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK093397.1
ES_19_D OC /Sangue PP779065	*Euphractus sexcinctus/MS*	23S rRNA	422	100%	4e-174	93.38%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK569854.1

ES_51_DOC /Sangue/ PQ195682	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	592	100%	0.0	97.30%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_38_DOC/ Sangue/ PQ195683	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	602	100%	0.0	97.67%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
ES_02_DOC /Sangue/ PQ195684	*Euphractus sexcinctus/MS*	16S rRNA	494	100%	0.0	98.79%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
TC34 13/12/20 /Sangue/ PQ195685	*Priodontes maximus/MS*	16S rRNA	430	100%	0.0	99.77%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK236819.1
TC_36_DOC_50 /Sangue/ PQ195686	*Priodontes maximus/MS*	16S rRNA	631	99%	0.0	99.05%	*Priodontes maximus*	*Mycoplasma* sp.	Brasil/ OK093397.1

Objetivando realizar inferências filogenéticas mais robustas, cinco sequências de dois fragmentos que apresentaram *overlap* do gene 16S rRNA de hemoplasmas oriundas de mesmo hospedeiro foram concatenadas (tamanho resultante de 606 – 693 pb). As cinco sequências obtidas dos animais do presente estudo foram depositadas na base de dados internacional Genbank sob os seguintes números de acesso: PP799049 (clone ES02), PP799050 (clone ES51), PP799051 (clone ES38) PP799052 (clone TC36) e PP799053 (clone TC34).

As demais sequências com tamanho variando de 458 a 594 pb não foram incluídas na árvore filogenética e foram depositadas na base de dados internacional Genbank sob os seguintes números de acesso: PQ195671 (clone ES02), PQ195672 (clone ES03), PQ195673 (clone ES19), PQ195674 (clone ES51), PQ195675 (clone ES38), PQ195676 (clone TC37), PQ195677 (clone TC36), PQ195678 (clone TC34), PQ195679 (clone NEC91), PQ195680 (clone NEC92), PQ195681 (clone NEC108), PQ195682 (clone ES51_DOC), PQ195683 (clone ES38_DOC), PQ195684 (clone ES02_DOC), PQ195685 (clone TC34_DOC) e PQ195686 (clone TC36_DOC).

Na análise filogenética pelo Método de Máxima Verossimilhança e modelo evolutivo SYM+I+G baseada em um alinhamento de 710 pb do gene 16S rRNA, as sequências de hemoplasmas detectadas em amostras de sangue de *Euphractus sexcinctus* e *Priodontes maximus* posicionaram-se no mesmo sub-clado que sequências de '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', previamente detectadas em tatus-canastra (*Priodontes maximus*) do estado do Mato Grosso do sul, Brasil (OK584818; OK584820; OK093397), com índice de suporte de clados de 99 (**Figura 4**).

Na análise filogenética pelo Método de Máxima Verossimilhança e modelo evolutivo GTR+I+G baseada em um alinhamento de 428 pb do gene 23S rRNA, a sequência de hemoplasma detectada em *Euphractus sexcinctus* posiciounou-se no mesmo sub-clado que sequências de '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus' (KO569856; KO569855; KO569854; KO569853) previamente detectadas em tatus-canastra (*Priodontes maximus*) detectadas no Mato Grosso do Sul, Brasil. A sequência de 23S rRNA obtida no presente estudo foi depositada na base de dados internacional Genbank sob o seguinte número de acesso: PP779065 (clone ES19) (**Figura 5**).

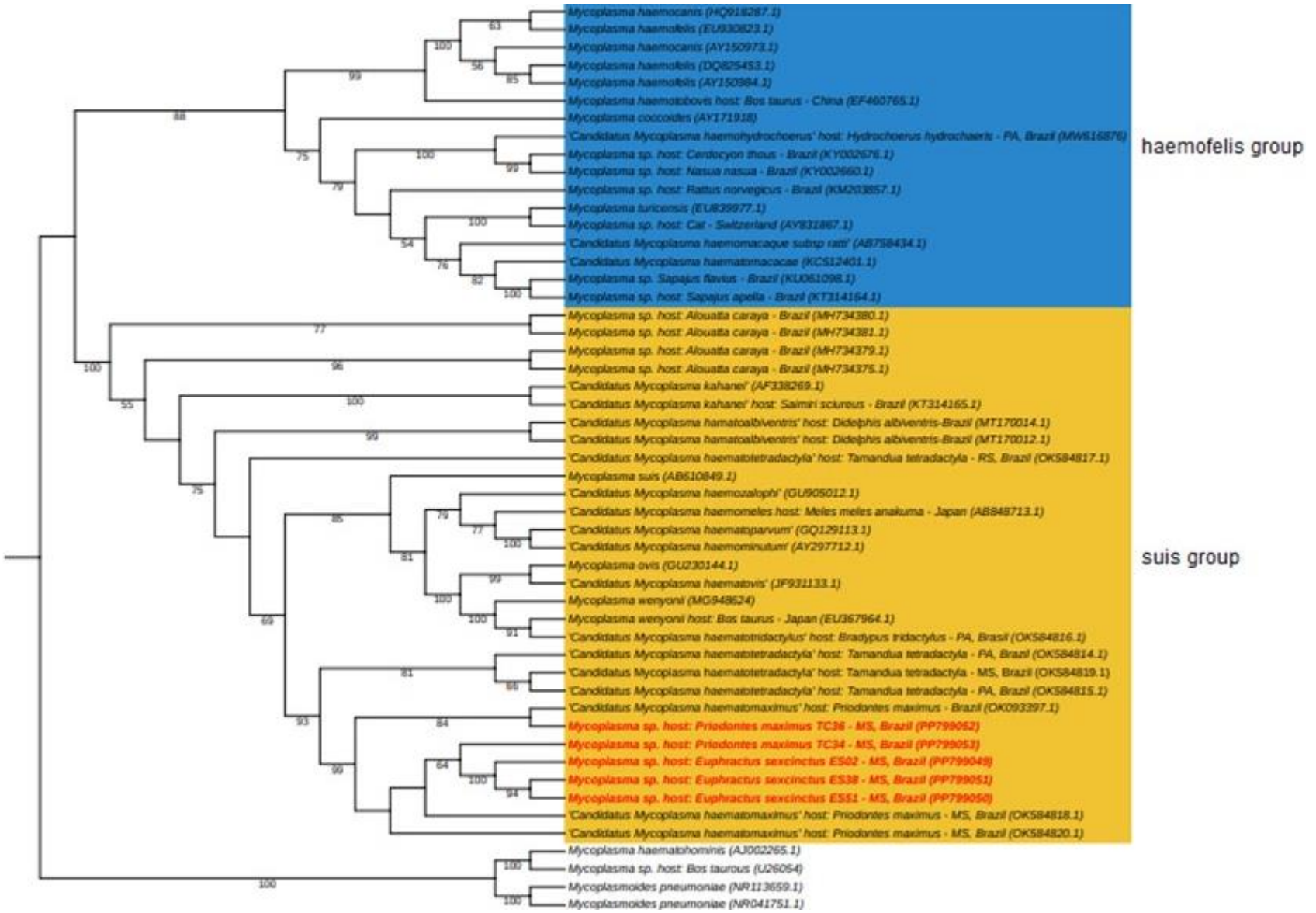

Mycoplasma haemocanis (HQ918267.1)
Mycoplasma haemofelis (EU930823.1)
Mycoplasma haemocanis (AY150973.1)
Mycoplasma haemofelis (DQ825453.1)
Mycoplasma haemofelis (AY150984.1)
Mycoplasma haemotiboves host: Bos taurus - China (EF460765.1)
Mycoplasma coccoides (AY171918)
'Candidatus Mycoplasma haemohydrochoerus' host: Hydrochoerus hydrochaeris - PA, Brazil (MW616876)
Mycoplasma sp. host: Cerdocyon thous - Brazil (KY002676.1)
Mycoplasma sp. host: Nasua nasua - Brazil (KY002660.1)
Mycoplasma sp. host: Rattus norvegicus - Brazil (KM203857.1)
Mycoplasma turicensis (EU839977.1)
Mycoplasma sp. host: Cat - Seltzerland (AY831867.1)
'Candidatus Mycoplasma haemomacaque subsp ratti' (AB758434.1)
'Candidatus Mycoplasma haematomacacae (KC512401.1)
Mycoplasma sp. Sapajus flavius - Brazil (KU061098.1)
Mycoplasma sp. host: Sapajus apella - Brazil (KT314164.1)
haemofelis group
Mycoplasma sp. host: Alouatta caraya - Brazil (MH734380.1)
Mycoplasma sp. host: Alouatta caraya - Brazil (MH734381.1)
Mycoplasma sp. host: Alouatta caraya - Brazil (MH734379.1)
Mycoplasma sp. host: Alouatta caraya - Brazil (MH734375.1)
'Candidatus Mycoplasma kahanei' (AF338269.1)
'Candidatus Mycoplasma kahanei' host: Salmo salar - Brazil (KT314165.1)
'Candidatus Mycoplasma haematoalbiventris' host: Didelphis albiventris-Brazil (MT170014.1)
'Candidatus Mycoplasma haematoalbiventris' host: Didelphis albiventris-Brazil (MT170012.1)
'Candidatus Mycoplasma haematotetradactyla' host: Tamandua tetradactyla - RS, Brazil (OK584817.1)
Mycoplasma suis (AB610849.1)
'Candidatus Mycoplasma haemozalophi' (GU905012.1)
'Candidatus Mycoplasma haemomeles host: Meles meles anakuma - Japan (AB848713.1)
'Candidatus Mycoplasma haematoparvum' (GQ129113.1)
'Candidatus Mycoplasma haemominutum' (AY297712.1)
Mycoplasma ovis (GU230144.1)
'Candidatus Mycoplasma haematovis' (JF931133.1)
Mycoplasma wenyonii (MG948624)
Mycoplasma wenyonii host: Bos taurus - Japan (EU367964.1)
'Candidatus Mycoplasma haematotridactylus' host: Bradypus tridactylus - PA, Brasil (OK584816.1)
'Candidatus Mycoplasma haematotetradactyla' host: Tamandua tetradactyla - PA, Brazil (OK584814.1)
'Candidatus Mycoplasma haematotetradactyla' host: Tamandua tetradactyla - MS, Brazil (OK584819.1)
'Candidatus Mycoplasma haematotetradactyla' host: Tamandua tetradactyla - PA, Brazil (OK584815.1)
'Candidatus Mycoplasma haematomaximus' host: Priodontes maximus - Brazil (OK093397.1)
Mycoplasma sp. host: Priodontes maximus TC36 - MS, Brazil (PP799052)
Mycoplasma sp. host: Priodontes maximus TC34 - MS, Brazil (PP799053)
Mycoplasma sp. host: Euphractus sexcinctus ES02 - MS, Brazil (PP799049)
Mycoplasma sp. host: Euphractus sexcinctus ES38 - MS, Brazil (PP799051)
Mycoplasma sp. host: Euphractus sexcinctus ES51 - MS, Brazil (PP799050)
'Candidatus Mycoplasma haematomaximus' host: Priodontes maximus - MS, Brazil (OK584818.1)
'Candidatus Mycoplasma haematomaximus' host: Priodontes maximus - MS, Brazil (OK584820.1)
suis group
Mycoplasma haematohominis (AJ002265.1)
Mycoplasma sp. host: Bos taurus (U26054)
Mycoplasmoides pneumoniae (NR113659.1)
Mycoplasmoides pneumoniae (NR041751.1)

Figura 4. Árvore filogenética baseada em um alinhamento de 710 pb de sequências do gene 16S rRNA de *Mycoplasma* spp., gerada pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) e modelo evolutivo SYM+I+G. As sequências obtidas no presente estudo estão destacadas em vermelho. *Mycoplasma pneumoniae e Mycoplasma haematohominis* foram utilizados como grupos externos.

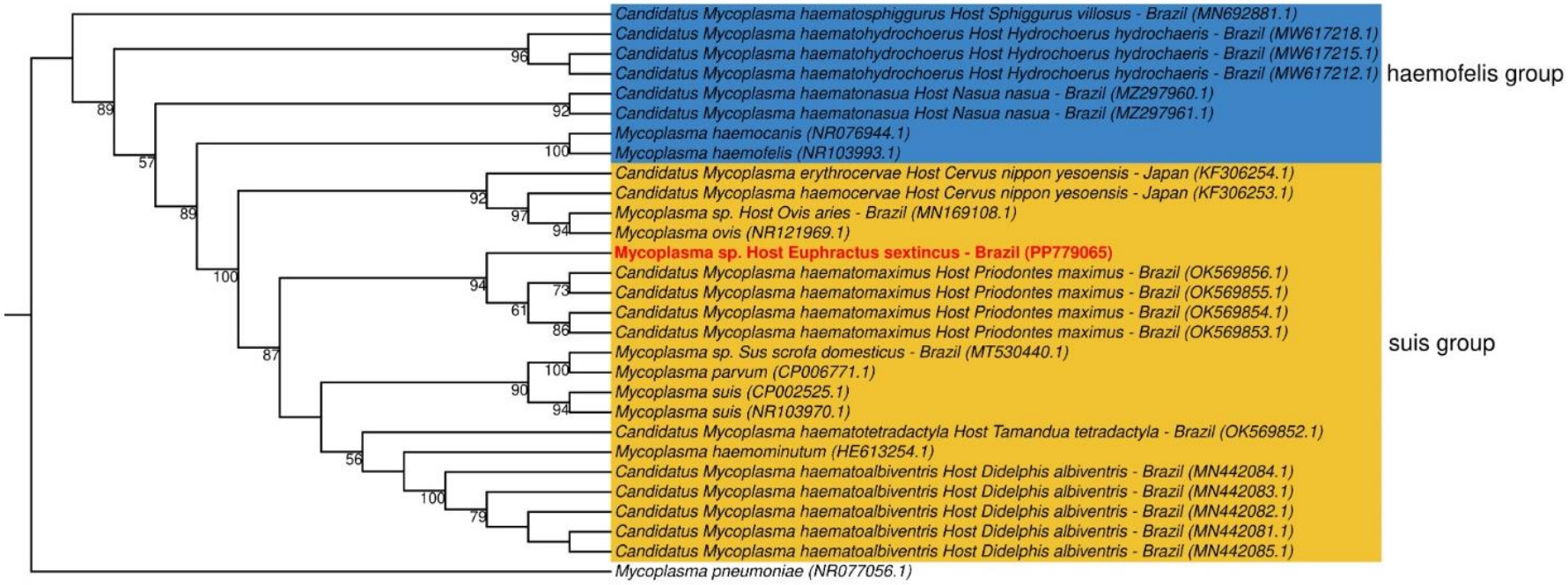


Figura 5. Árvore filogenética baseada em um alinhamento de 428 pb de sequências do gene 23S rRNA de *Mycoplasma* spp., gerada pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) e modelo evolutivo GTR+I+G. As sequencias obtidas no presente estudo estão destacadas em vermelho. *Mycoplasma pneumoniae* foi utilizado como grupo externo.

3.3. Ocorrência, resultados do BLASTn e análises filogenéticas para *Bartonella* spp.

Na triagem das amostras por meio de PCR em tempo real quantitativa (qPCR) para *Bartonella* spp. baseada na região intergênica 16-23S (ITS), 58/167 amostras (34,7%) foram positivas na qPCR baseada na região intergênica 16-23S (ITS) para *Bartonella* spp., dos quais 23/48 tatus-peba (*E. sexcinctus*), 1/4 tatu-galinha (*D. novemcinctus*), 9/29 tatus-canastra (*P. maximus*), 21/75 tamanduás-bandeira (*M. tridactyla*), e 3/6 tamanduás-mirim (*T. tetradactyla*) do estado de Mato Grosso de Sul, e 1/2 tamanduá-bandeira do estado de São Paulo. A eficiência variou de 94,1% a 107,9% (média=102,583%; SD = 4,747), r^2 de 0,804 a 0,991(média= 0,940; 0,0690), slope de -3,146 a -3,444 (média= -3,26566; SD = 0,11031) e Y-intercepto de 34,786 a 36,954 (média= 35,6173; SD= 0,7969), segundo as recomendações de MIQE ("Minimum Information for Publication of Quantitative real-time PCR Experiments") (Bustin et al., 2009) (**Material Suplementar Tabela SM4**). A quantificação do número de cópias de um fragmento da região intergênica do 16-23S rRNA por microlitro de DNA foi possível de ser realizada em apenas 14/58 (24,13 %) amostras positivas, com valores médios que variaram de 7,062 x 10^{-2} em amostra de baço de *T. tetradactyla* (NEC 94) a 6,6965 x 10 em amostra de sangue de *E. sexcinctus* (ES_49_DOC) do estado de Mato Grosso de Sul. Por outro lado, a quantificação não foi possível em 44/58 amostras positivas, possivelmente devido à baixa quantidade de DNA inicial do agente na amostra testada ("efeito Monte Carlo") (Bustin et al., 2009) (**Material suplementar Tabela SM4**).

Das 58 amostras positivas na qPCR para *Bartonella* spp., 5 (8,62%) foram positivas em ensaio de PCR baseado no gene *gltA*, 4 (6,89%) para *ftsZ*, 3 (5,17%) para *rpoB*, 3 (5,17%) para *nuoG* e 4 (6,89%) na PCR para o gene *pap31*. Nenhuma amostra previamente positiva na qPCR para *Bartonella* spp. mostrou-se positiva nos ensaios de PCR de caracterização molecular baseados nos genes *ribC* e *groEL* (**Material suplementar Tabela SM4**).

Foram obtidas 3 sequências *nuoG* de duas amostras de sangue de *P. maximus (*TC36_DOC_50 e TC 23*)* e uma amostra de baço de *T. tetradactyla* (NEC 108), e duas 2 sequências *ftsZ* de duas amostras de baço de *E. sexcinctus* (NEC 86 e NEC 80). Todas as sequências de *nuoG* obtidas dos animais do presente estudo foram depositadas na base de dados internacional Genbank sob os seguintes números de acesso: PP931998 (clone TC36), PP931999 (clone NEC108) e PP932000 (clone TC23). As sequências *ftsZ* obtidas foram depositadas no Genbank sob números de acesso PP932002 (clone NEC86) e PP932003 (clone NEC80). Os resultados da análise BLASTn para cada sequência obtida está mostrada na **Tabela 4**.

Tabela 4. Resultados do BLASTn de sequências de *Bartonella* spp. obtidas nos ensaios de cPCR baseados nos genes *nuoG* e *ftsZ*.

ID/ amostra biológica/Número de acesso no Genbank	Espécie /Estado	Gene	Tamanho da sequência	Query Cover	E value	Identidade	Hospedeiro	Resultado no BLAST	País/ Número de acesso
TC_36_DOC_50/ Sangue/ PP931998	*Priodontes maximus/MS*	*nuoG*	314	100%	6e-161	100%	*Amblyomma sculptum*	*Bartonella* sp.	Brasil/ON376905.1
NEC 108/ Baço PP931999	*Tamandua tetradactyla/MS*	*nuoG*	310	100%	1e-158	100%	*Bos indicus*	*Bartonella* sp.	Somalia/OR947418.1
				100%	1e-158	100%	*Bovino*	*Bartonella bovis*	França/KF218206.1
TC 23/ Sangue PP932000	*Priodontes maximus/MS*	*nuoG*	315	100%	8e-160	99.68%	*Amblyomma sculptum*	*Bartonella* sp.	Brasil/ON376905.1
				100%	8e-160	99.7%	*Thrichomys fosteri*	*Bartonella machadoae*	Brasil/CP087114.1
NEC 86/Baço PP932002	*Euphractus sexcinctus/MS*	*ftsZ*	499	100%	0.0	99.2%	*Euphractus sextincus*	*Bartonella* sp.	Brasil/MN165706.1
NEC 80/ Baço PP932003	*Euphractus sexcinctus/MS*	*ftsZ*	500	100%	0.0	99.2%	*Euphractus sextincus*	*Bartonella* sp.	Brasil/MN165709.1

Na análise filogenética pelo Método de Máxima Verossimilhança e modelo evolutivo GTR+I+G baseada em um alinhamento de 506 pb do gene *ftsZ,* as sequências obtidas no presente estudo posicionaram-se no clado de sequências de *Bartonella washoensis*, em sub-clados contendo sequências de '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' previamente detectadas em tatus-peba (*Euphractus sextincus*) do estado do Mato Grosso do Sul, Brasil (MN165706; MN165707; MN165708; MN165709) (**Figura 6**).

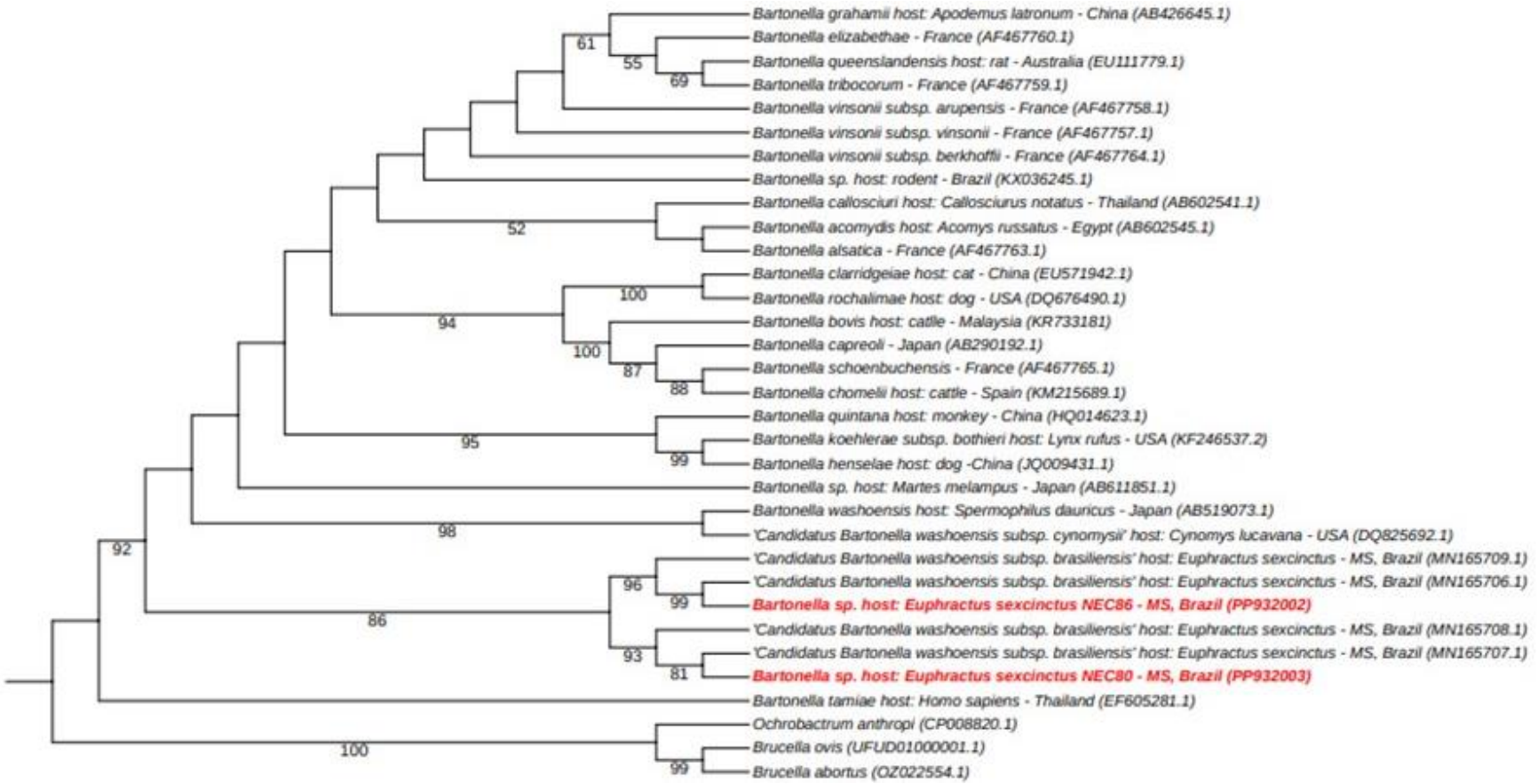


Figura 6. Árvore filogenética baseada em um alinhamento de 506 pb do gene *ftsZ* de *Bartonella* spp., gerada pelo método de Máxima Verossimilhança (ML) e modelo evolutivo GTR+I+G. As sequencias obtidas no presente estão destacadas em vermelho. *Brucella abortus, Brucella ovis e Ochrobactrum anthropi* foram utilizados como grupos externos.

No que diz respeito à co-positividade para os diversos agentes sob estudo, 1 *E. sexcinctus* do MS mostrou-se positivo para *Anaplasma* sp., *Bartonella* sp. e *Mycoplasma* sp., 1 *M. tridactyla* do MS mostrou-se positivo para *Ehrlichia* sp. e

Mycoplasma sp.; 15 *E. sexcinctus*, 2 *P. maximus*, 2 *T. tetradactyla* e 8 *M. tridactyla* todos do MS foram positivos para *Mycoplasma* sp. e *Bartonella* sp. A positividade para os agentes sob estudo de acordo com as espécies de tatus e tamanduás amostrados no presente estudo de acordo com o estado de origem encontra-se na **Figura 7**.



Figura 7. Positividade para *Anaplasma* spp., *Ehrlichia* spp., *Bartonella* spp., e hemoplasmas, de acordo com a espécies de tatus e tamanduás amostrados e estados de origem.

4. Discussão

O presente estudo detectou molecularmente *Ehrlichia* spp., *Anaplasma* spp., *Bartonella* spp. e micoplasmas hemotrópicos em tatus e tamanduás nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil.

Enquanto *Anaplasma* spp. foi molecularmente detectado em tatus-peba (1/48; 2,08%), DNA de *Ehrlichia* spp. foi detectado em tamanduás-bandeira (1/79; 1,26%). Calchi et al. (2020a) encontraram positividade de 12,5% (1/8) para *Anaplasma* spp. baseado no gene 16S rRNA em tatu e 13,46% (7/52) para *Ehrlichia* spp. baseado no gene *dsb* em tamanduás.

A sequência 16S rRNA de *Anaplasma* sp. detectada em tatu-peba (*E. sexcintus*) do MS, centro-oeste do Brasil, posicionou-se em um clado com sequências de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' detectadas em *T. tetradactyla* previamente amostrados no estado de São Paulo, sudeste do Brasil. Os achados do presente estudo sugerem que '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' circule em tamanduás e tatus no Sudeste e centro-oeste do Brasil, respectivamente. Por outro lado, até o momento, *'Candidatus* Anaplasma amazonensis' foi detectado somente em preguiças na região Amazônica do Brasil (Calchi et al., 2020a) e Guiana Francesa (Buysse et al., 2024). Recentemente, sequenciou-se o genoma completo de '*Candidatus* Anaplasma amazonensis' detectado em uma preguiça (*Bradypus tridactylus*) amostrada na Amazônia da Guiana Francesa (Buysse et al., 2024). Embora todos os tamanduás amostrados no presente estudo tenham se mostrado negativos para *Anaplasma* spp., Guillemi et al. (2016), detectaram mórulas em eritrócitos e sequência *msp-5* de *A. marginale* em uma amostra de sangue de *M. tridactyla* na Argentina.

A sequência *dsb* de *Ehrlichia* sp. detectada em uma amostra de sangue de tamanduá-bandeira (*M. tridactyla*) do MS no presente estudo posicionou-se no mesmo clado que sequências de *Ehrlichia minasensis* previamente detectada em bovinos e carrapatos *R. microplus* do Brasil e Colômbia, e com genótipos de *Ehrlichia* sp. previamente detectados em preguiças (*Bradypus variegatus* e *Choloepus* spp.) e tamanduás (*T. tetradactyla)* amostrados na região norte do Brasil (Calchi et al., 2020a). Estes achados sugerem que *Ehrlichia minasensis* apresente uma gama de hospedeiros

maior que outrora imaginada. Recentemente, genótipo filogeneticamente associado a *E. minasensis* foi detectado em aves selvagens (*Agelasticus cyanopus* e *Basileuterus flaveolus*) no Pantanal do estado do Mato Grosso (Córdova et al., 2024). Ainda no Pantanal de Mato Grosso, (Melo et al., 2021) demonstrou evidência sorológica de exposição à *E. minasensis* em cães. Muraro et al. (2021), demonstraram evidência sorológica e molecular de exposição de equinos à *E. minasensis*. O vetor de *E. minasensis*, o carrapato *Rhipicephalus microplus* (Cabezas-Cruz et al., 2016), já foi encontrado parasitando *T. tetradactyla* no Sudeste e Centro-Oeste do Brasil (Szabó et al., 2019; Martins et al 2023). Essa constatação está provavelmente relacionada às mudanças antropogênicas que levam à perda do habitat natural dos tatus e tamanduás, forçando-os a utilizar ambientes associados a animais domésticos, como pastagens. Isso pode resultar na troca de carrapatos e microrganismos relacionados entre os hospedeiros. Além disso, os tatus-canastra criam tocas de alimentação, buracos de descanso e abrigos, desempenhando um papel como engenheiros de ecossistemas ao alterar os ambientes físicos (Desbiez e Kluyber, 2013). Essas tocas e abrigos podem servir como locais para a troca de artrópodes e patógenos entre os hospedeiros. Eles às vezes fornecem abrigo para vários vertebrados e invertebrados, levando ao contato com os tatus e, consequentemente, à transmissão de agentes patogênicos.

Infelizmente, nenhuma amostra positiva nos ensaios de triagem para *Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp. mostrou positividade nos ensaios de PCR com base nos genes *msp4*, *msp5*, *groEL*, 16S rRNA e na região intergênica 23S-5S (ITS) para *Anaplsma* spp. e *gltA*, *groEL*, *sodB, omp-1* e a região intergênica 23S-5S (ITS) para *Ehrlichia* spp. Este fato pode ter sido devido à baixa bacteremia nestes animais, a qual se mostrou abaixo do limiar de detecção dos ensaios moleculares utilizados. Alternativamente, os primers utilizados mostraram-se incapazes de se anelar às respectivas regiões gênicas dos novos genótipos de *Ehrlichia* e *Anaplasma* detectados neste grupo de animais.

Em relação aos micoplasmas hemotrópicos, o presente estudo demonstrou a presença de DNA de hemoplasmas em amostras de sangue/baço em mais da metade dos tatus amostrados (64,5% *E. sexcinctus*; 65,5% *P. maximus;* 50% *D. novemcinctus*), e em mais de 30% dos tamanduás amostrados *(*41,7% *M. tridactyla* e 33,3% *T.*

tetradactyla). Na análise filogenética, as sequências de 16S rRNA e 23S de micoplasmas hemotrópicos detectadas em *E. sexcinctus* e *P. maximus* do presente estudo foram posicionadas no mesmo clado com '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus' previamente detectado em *P. maximuns* do Mato Grosso de Sul. Estes achados sugerem que '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus' pode parasitar outras espécies de tatus, além de tatus-canastra. Além de transmissão transplacentária, sugere-se que tanto vetores artrópodes quanto o contato direto com o sangue através interações agressivas entre os animais podem desempenhar um papel como vias de transmissão para micoplasmas hemotrópicos (Millán et al., 2020; Neimark et al., 2005; Cohen et al., 2018). Por exemplo, Kreutz et al. 2009 observaram dois tamanduás-bandeira em briga onde, cada um tentando imobilizar os membros do oponente e ferir o tórax, o abdômen ou a extremidade diretamente.

O presente estudo demonstrou também a presença de DNA de *Bartonella* spp. em 47,9% *E. sexcinctus*, 25% *D. novemcinctus*, 31% *P. maximus*, 28,6% *M. tridactyla*, e 50% *T. tetradactyla*. Previamente, Calchi et al. (2020b), relataram taxas de positividade para *Bartonella* spp. de 50% *E. sexcinctus* e 3,3% *T. tetradactyla*. Os genótipos *ftsZ* de *Bartonella* spp. detectados em amostras de baço de tatus-peba (*E. sexcintus*) amostrados no MS no presente estudo foram agrupados juntamente com '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' previamente detectados em *E. sexcintus* também amostrados no MS. Os achados do presente estudo reforçam aqueles encontrados por Calchi et al. (2020b), indicando a ocorrência de uma subespécie de *Bartonella washoensis* em mamíferos Xenarthra no Brasil.

Os vetores, potencial zoonótico e impacto na saúde de tatus e tamanduás dos agentes bacterianos aqui detectados são desconhecidos.

5. Conclusão

Baixa ocorrência para *Ehrlichia* spp. e *Anaplasma* spp. foi verificada entre tatus e tamanduás amostrados no presente estudo quando comparada àquela encontrada para hemoplasmas e *Bartonella* spp. entre os tatus e tamanduás aqui amostrados. Os achados do presente estudo reforçam a ocorrência de '*Candidatus* Anaplasma brasiliensis' e '*Candidatus* Bartonella washoensis subsp. brasiliensis' em tatus e *E. minasensis* em tamanduás. Trata-se do primeiro relato de '*Candidatus* Mycoplasma haematomaximus', hemoplasma anteriormente descrito em tatus-canastra, em tatus-peba.

6. Agradecimentos

Os autores gostariam de agradecer a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior pela bolsa de mestrado concedida (CAPES), ao "Laboratório de Biologia Evolutiva e Conservação", ao Instituto de Conservação de Animais Silvestres (ICAS) (Projeto Bandeiras e Rodovias e o Programa de Conservação do Tatu Canastra) e ao Serviço de Patologia de Animais Selvagens (SEPAS) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária da Universidade Estadual Paulista (FCAV-UNESP).

7. Financiamento

Este trabalho foi apoiado pela FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - Processo nº 2022/08543-2) e CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico; Bolsa de Produtividade para MRA [Processo CNPq nº 303701/2021- 8]). Este estudo foi financiado em parte pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código Financeiro 001.

8. Contribuições dos autores

Conceituação: Marcos Rogério André;

Análise formal: Marcos Rogério André; Jovêncio Mateus Sada e Daniel Antônio Braga Lee;

Aquisição de financiamento: Marcos Rogério André;

Investigação: Jovêncio Mateus Sada Dália Monique Ribeiro Machado, Daniel Antônio Braga Lee;

Metodologia: Marcos Rogério André e Jovêncio Mateus Sada;

Administração de projetos; Marcos Rogério André;

Recursos: Marcos Rogério André, Danilo Kluyberb, Mario Henrique Alves, Débora Regina Yoguib, Karin Werthera, Rosangela Zacarias Machado, Arnaud Leonard e Jean Desbiezb;

Supervisão: Marcos Rogério André;

Validação: Marcos Rogério André;

Visualização: Marcos Rogério André e Jovêncio Mateus Sada;

Redação - rascunho original: Jovêncio Mateus Sada, Daniel Antônio Braga Lee e Marcos Rogério André;

Redação - revisão e edição: Marcos Rogério André e Jovêncio Mateus Sada.

9. Conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflito de interesse.

10. Referências

Almeida, A.P.; Souza, T.D.; Marcili, A.; Labruna, M.B. 2013. Novel *Ehrlichia* and *Hepatozoon* agents infecting the crab-eating fox (*Cerdocyon thous*) in southeastern Brazil. **Journal of Medical Entomology**, v. 50, p. 640–646. https://doi.org/10.1603/ME12272.

Altschul, S.F.; Gish, W.; Miller, W.; Myers, E.W. 1990. Basic local alignment search tool. **Journal of Molecular Biology**, Amsterdam, v. 215, n. 3, p. 403–410. https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2.

André, M.R. 2018. Diversity of *Anaplasma* and *Ehrlichia*/*Neoehrlichia* Agents in Terrestrial Wild Carnivores Worldwide: Implications for Human and Domestic Animal Health and Wildlife Conservation. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 5. https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00293.

André, M.R.; Adania, C.H.; Allegretti, S.M.; Machado, R.Z. 2011. Hemoplasmas in Wild Canids and Felids in Brazil. **Journal of Zoo and Wildlife**, v. 42, n. 2, p. 342–347. https://doi.org/10.1638/2010-0198.1.

André, M.R.; Calchi, A.C.; Perles, L.; Gonçalves, L.R; Uccella, L.; Lemes, J.R.B.; Nantes, W.A.G.; Santos, F.M.; Porfírio, G.E.O.; Barros-Battesti, D.M.; Herrera, H.M.; Machado, R.Z. 2022. Novel *Ehrlichia* and *Hepatozoon* genotypes in white-eared opossums (*Didelphis albiventris*) and associated ticks from Brazil. **Ticks and Tick-Borne Diseases**, v. 13, n. 3, https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102022.

André, M. R.; Duarte, J. M. B.; Gonçalves, L. R.; Sacchi, A. B.; Jusi, M. M. G.; Machado, R. Z. 2020. New records and genetic diversity of *Mycoplasma ovis* in free ranging deer in Brazil. **Epidemilogy and Infection**, v. 148, n. 6. https://doi.org/10.1017/S0950268819002218.

André, M.R.; Gutiérrez, R.; Ikeda, P.; do Amaral, R.B.; de Sousa, K.C.M.; Nachum-biala, Y.; Lima, L.; Teixeira, M.M.G.; Machado, R.Z.; Harrus, S. 2019. Genetic diversity of *Bartonella* spp. in vampire bats from Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases,** v. 66, n. 6. https://doi.org/10.1111/tbed.13290.

André, M.R.; Dumler, J.S.; Scorpio, D. G.; Teixeira, R.H.F.; Allegretti, S.M.; Machado, R.Z. 2012. Molecular detection of tick-borne bacterial agents in Brazilian and exotic captive carnivores. **Ticks and Tick-borne Diseases,** v. 3, n. 4, p. 247-253. https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.04.002.

Avidor, B.; Graidy, M.; Efrat, G.; Leibowitz, C.; Shapira, G.; Schattner, A.; Zimhony, O.; Giladi, M. 2004. *Bartonella koehlerae*, a New Cat-Associated Agent of Culture-Negative Human Endocarditis. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 42, n. 8. DOI: 10.1128/JCM.42.8.3462–3468.2004

Benevenute, J.L.; Dumler, J.S.; Ogrzewalska, M.; Roque, A.L. R.; Mello, V.V.C.; de Sousa, K.C.M.; Gonçalves, L.R.; d'Andrea, P.S.; Lemos, E.R.S.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2017. Assessment of a quantitative 5'nuclease real-time polymerase chain reaction using groEL gene for *Ehrlichia* and *Anaplasma* species in rodents in Brazil. **Ticks and Tick-Borne Diseases,** v. 8, p. 646-656. https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2017.04.011.

Birkenheuer, A.J.; Levy, M.G.; Breitschwerdt, E.B. 2003. Development and evaluation of a seminested PCR for detection and differentiation of *Babesia gibsoni* (Asian genotype) and *B. canis* DNA in canine blood samples. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 41, p. 4172–4177. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.41.9.4172-4177.2003.

Birtles, R.J.; Harrison, T.G.; Saunders, N.A.; Molyneux, D. H. 1995. Proposals to unify the genera *Grahamella* and *Bartonella*, with descriptions of *Bartonella talpae* comb. nov., *Bartonella peromysci* comb. nov., and three new species, Bartonella grahamii sp. nov., *Bartonella taylorii* sp. nov., and *Bartonella doshiae* sp. nov. **International Jounal of Systematic and Evolutionary Microbiology,** v. 45, n. 1, p. 1–8. https://doi.org/10.1099/00207713-45-1-1.

Bonato, L.; Figueiredo, M.A.P.; Goncalves, L.R.; Machado, R.Z., André, M.R. 2015. Occurrence and molecular characterization of *Bartonella* sp. and hemoplasmas in neotropical primates from Brazilian Amazon. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 42, p. 15–20. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.09.001.

Bouhsira, E.; Ferrandez, Y.; Liu, M.; Franc, M.; Boulouis, H. J.; Biville, F. 2013. *Ctenocephalides felis* an in vitro potential vector for five *Bartonella* species **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 36, n. 2, p. 105-111. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2012.10.004.

Braga, M.S.C.O.; Pereira, J.G.; Fernandes, S.J.; Marques, I.C.L.; Jesus, R.P.; Ferreira, G.S.; Xavier, D.R.; Benevenute, J.L.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2018. Molecular detection of Anaplasmataceae agents in Dasyprocta azarae in northeastern in Brasil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 27, p. 99-105. https://doi.org/10.1590/S1984-29612017071.

Breitschwerdt, E.B.; Maggi, R.G. 2019. *Bartonella quintana* and *Bartonella vinsonii* Subsp. vinsonii Bloodstream Co-Infection in a Girl From North Carolina, USA. **Medical Microbiology and Immunology,** v. 208, p. 101–107. https://doi.org/10.1007/s00430-018-0563-0.

Bustin, S.A.; Benes, V.; Garson, J.A.; Hellemans, J.; Huggett, J.; Kubista, M.; Mueller, R.; Nolan, T.; Pfaffl, M.W.; Shipley, G. L.; Vandesompele, J.; Wittwer, C.T. 2009.The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments. **Clinical Chemistry**, v. 55, n. 4, p. 611–622. https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797.

Buysse, M.; Koual, R.; Binetruy, F.; De Thoisy, B.; Baudrimont, X.; Garnier, S.; Douine, M.; Chevillon, C.; Delsuc, F.; Catzeflis, F.; Bouchon, D.; Duron, O. 2024. Detection of *Anaplasma* and *Ehrlichia* bacteria in humans, wildlife, and ticks in the Amazon rainforest. **Nature Communications,** v. 15, n: 3988. https://doi.org/10.1038/s41467-024-48459-y.

Cabezas-Cruz, A.; Zweygarth, E.; Vancová, M.; Broniszewska, M.; Grubhoffer, L.; Passos, L. M. F.; Ribeiro, M. F. B.; Alberdi, P. De La Fuente, J. 2016. *Ehrlichia minasensis* sp. nov., isolated from the tick *Rhipicephalus microplus* **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 66, n. 3. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000895.

Calchi, A.C.; Vultão, J.G.; Alves, M.H.; Yogui, D. R.; Desbiez, A.L.J.; De Santi, M.; Santana, M.S.; Silva, T. M. V.; Werther, K.; Teixeira, M. M. G.; Machado, R. Z.; André, M.R. 2020a. *Ehrlichia* spp. and *Anaplasma* spp. in Xenarthra mammals from Brazil, with evidence of novel 'Candidatus Anaplasma spp.'. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1. https://doi.org/10.1038/s41598-020-69263-w.

Calchi, A.C.; Vultão, J.G.; Alves, M.H.; Yogui, D.R.; Desbiez, A.L.J.; Amaral, R.B.; Santi, M.; Teixeira, M.M.G.; Werther, K.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2020b. Multi-locus sequencing reveals a novel *Bartonella* in mammals from the Superorder Xenarthra. **Transbound Emerging Diseases**, v. 67, n. 5, p. 2020-2033. https://doi.org/10.1111/tbed.13545.

Cohen, C.; Shemesh, M.; Garrido, M.; Messika, I.; Einav, M.; Khokhlova, I.; Tasker, S.; Hawlena, H. 2018. Haemoplasmas in wild rodents: Routes of transmission and infection dynamics. **Molecular Ecology,** v. 27, n. 18, p. 3714-3726. https://doi.org/10.1111/mec.14826

Chang, C.C.; Chomel, B.B.; Kasten, R.W.; Romano, V.; Tietze, N. 2001. Molecular evidence of *Bartonella* spp. in questing adult Ixodes pacificus ticks in California. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 39, p. 1221–1226. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.39.4.1221-1226.2001.

Chomel, B.B.; Kasten, R.W.; Floyd-Hawkins, K.; Chi, B.; Yamamoto, K.; Roberts-Wilson, J.; Gurfield, A.N.; Abbott, R.C.; Pedersen, N.C.; Koehler, J.E. 1996. Experimental transmission of *Bartonella henselae* by the cat flea. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 34, p. 1952–1956. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.34.8.1952-1956.1996.

Colborn, J.M.; Kosoy, M.Y.; Motin, V.L.; Telepnev, M.V.; Valbuena, G.; Myint, K.S.; Fofanov, Y.; Putonti, C.; Feng, C.; Peruski, L. 2010. Improved detection of *Bartonella* DNA in mammalian hosts and arthropod vectors by real-time PCR using the NADH dehydrogenase gamma subunit (*nuoG*). **Journal of clinical microbiology,** v. 48, n. 12, p. 4630-4633. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.00470-10.

Colton, L.; Kabeya, H.; Kosoy, M. 2012. Experimental infection of three laboratory mouse stocks with a shrew origin *Bartonella elizabethae* strain: an evaluation of bacterial host switching potential. **Infection Ecology & Epidemiology**, v. 2, n. 1. https://doi.org/10.3402/iee.v2i0.17132.

Córdova, A.S.A.; Fecchio, A.; Calchi, A.C.; Dias, C.M.; Mongruel, A.C.B.; Das Neves, L.F.; Lee, D.A.B.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2024. Novel Tick-Borne Anaplasmataceae Genotypes in Tropical Birds from the Brazilian Pantanal Wetland. **Microorganisms**, v. 12, n. 5. https://doi.org/10.3390/microorganisms12050962.

Cotté, V.; Bonnet, S.; Le Rhun, D.; Le Naour, L.; Chauvin, A.; Boulouis, H.J.; Lecuelle, B.; Lilin, T.; Vayssier, M. 2008. Transmission of *Bartonella henselae* by *Ixodes ricinus*. **Emerging Infectious Diseases**, v. 14, n. 7, p.1074–1080. doi: 10.3201/eid1407.071110.

Darriba, D.; Taboada, G.L.; Doallo, R.; Posada, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. **Nature Methods**, v. 9, n. 8, p.772. doi: 10.1038/nmeth.2109.

De La Fuente, J.; Atkinson, M.W.; Naranjo, V.; Fernández De Mera, I. G.; Mangold, A. J.; Keating, K. A.; Kocan, K. M. 2007. Sequence analysis of the *msp4* gene of *Anaplasma ovis* strains. **Veterinary Microbiology**, v. 119, n. 2-4, p. 375-381. https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2006.09.011.

De Medeiros, M. B. 2018. Manejo do fogo em unidades de conservação do cerrado. **Boletim do Herbário Ezechias Paulo Heringer**, v. 10.

De Mello, V.V.C, De Oliveira, L. B.; Coelho, T.F.S.B.; Lee, D.A.B.; Franco, E.O.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2024. Molecular survey of hemoplasmas and *Coxiella burnetii* in vampire bats from northern Brazil. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 106. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2024.102127.

De Mello, V.V.C.; Placa, A.J.V.; Lee, D.A.B.; Franco, E.O.; Lima, L; Teixeira, M.M.G., Hemsley, C.; Titball, R.W.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2023. Molecular detection of blood-borne agents in vampire bats from Brazil, with the first molecular evidence of *Neorickettsia* sp. in *Desmodus rotundus* and *Diphylla ecaudata*. **Acta Tropica**, v. 244. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2023.106945.

De Oliveira, L.B.; Calchi, A.C.; Vultão, J.G.; Yogui, D.R.; Kluyber, D.; Alves, M.H.; Desbiez, A.L.J.; De Santi, M.; Soares, A.G.; Soares, J.F.; Werther, K.; Teixeira, M.M.G.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2022. Molecular investigation of haemotropic mycoplasmas and *Coxiella burnetii* in free-living Xenarthra mammals from Brazil, with evidence of new haemoplasma species. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 69, n. 5, p. 1877 – 1891. https://doi.org/10.1111/tbed.14523.

De Sousa, K.C.M., Do Amaral, R.B., Herrera, H.M., Santos, F.M., Macedo, G.C., De Andrade Pinto, P.C.E.; Barros-Battesti, D.M.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2018. Genetic diversity of *Bartonella* spp. in wild mammals and ectoparasites in Brazilian Pantanal. **Microbial Ecology**, v. 76, n, 2, p. 544–554. https://doi.org/10.1007/s00248-017-1138-0.

De Sousa, K.C.M.; Calchi, A.C.; Herrera, H.M.; Dumler, J.S.; Barros-Battesti, D.M.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2017. Anaplasmataceae agentes among wild mammals and ectoparasites in Brazil. **Epidemiology & Infection**, v. 145, p. 3424-3437. doi:10.1017/S095026881700245X.

De Sousa, K.C.M.; Herrera, H.M.; Secato, C.T.; Oliveira, A.V.; Santos, F.M., Rocha, F.L.; Barreto, W.T.G.; Macedo, G.C.; Pinto, P.C.E.A., Machado, R.Z.; Costa, M.T.; Andre, M.R. 2017. Occurrence and molecular characterization of hemoplasmas in domestic dogs and wild animals in a Brazilian wetland. **Acta Tropica**, v. 171. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.03.030.

Desbiez, A. L. J.; Kluyber, D. 2013. The Role of Giant Armadillos (*Priodontes maximus*) as Physical Ecosystem Engineers. **BIOTROPICA,** v. 45, n. 5, p. 537–540 10.1111/btp.12052

Di Cataldo, S.; Kamani, J.; Cevidanes, A.; Msheliza, E.G.; Millán, J. 2020. Hemotropic mycoplasmas in bats captured near human settlements in Nigeria. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v, 70, n. 101448. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101448.

Dias, C.M.; Do Amaral, R.B.; Perles, L.; Muniz, A.L.D.S.; Rocha, T.F.G.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2023. Multi-locus Sequencing Typing of *Bartonella henselae* isolates reveals coinfection with different variants in domestic cats from Midwestern Brazil. **Acta Tropica,** v. 237. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106742.

Dias, G.B.; Do Amaral, R.B.; Gatto, I.R.H.; Lapera, I.M.; De Oliveira, L.G.; Lux Hoppe, E.G.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2019. Molecular detection of *Mycoplasma suis* in captive white-lipped peccaries (*Tayassu pecari*) and wild boars (*Sus scrofa*) in Brazil. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 63, p. 94– 96. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2019.01.013.

Diniz, P.P.V.P.; Velho, P.E.N.F.; Pitassi, L.H.U.; Drummond, M.R.; Lania, B.G.; Barjas-Castro, M.L.; Sowy, S.; Breitschwerdt, E.B.; Escorpião, D.G. 2016. Risk factors for *Bartonela* Infection by Species in Blood Donors from Southeast Brazil. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 10, n. 3. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004509.

Do Amaral, R.B.; Cardozo, M.V.; Varani, A.M.; Furquim, M.E.C.; Dias, C.M.; De Assis, W.O.; Da Silva, A.R.; Herrera, H.M.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2022b. First Report of *Bartonella* spp. in Marsupials from Brazil, with a Description of *Bartonella harrusi* sp. nov. and a New Proposal for the Taxonomic Reclassification of Species of the Genus *Bartonella*. **Microorganisms,** v. 10, n. 8. https://doi.org/10.3390/microorganisms10081609.

Do Amaral, R.B.; Cardozo, M.V.; Varani, A.M.; Gonçalves, L.R.; Furquim, M.E.C.; Dias, C.M.; Santana, M.S.; De Assis, W.O.; Da Silva, A.R.; Herrera, H.M.; André, M.R. 2022a. *Bartonella machadoae* sp. nov. isolated from wild rodents in the Pantanal wetland. **Acta tropica**. v. 229. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106368.

Dos Santos, C.M. OCORRÊNCIA DA INFECÇÃO POR *Bartonella sp.* E *Ehrlichia sp.* EM CÃES *(Canis lupus familiaris)* E GATOS *(Felis catus)* DE CAMPO GRANDE, MS. Dissertação apresentada ao Curso de Pós-graduação em Doenças Infecciosas e Parasitárias da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. CAMPO GRANDE -MS, 2023.

Eremeeva, M.E.; Gerns, H.L.; Lydy, S.H.; Goo, J.S.; Ryan, E.T.; Mathew, S.S.; Ferraro, M.J.; Holden, J.M.; Nicholson, W.L.; Dasch, G.A.; Koehler, J.E. 2007. Bacteremia, Fever, and Splenomegaly Caused by a Newly Recognized *Bartonella* Species. **The New Englande Journal of medicine**, v. 356, n. 23. DOI: 10.1056/NEJMoa065987.

Eshoo, M.W.; Carolan, H.E.; Massire, C.; Chou, D.M.; Crowder, C.D.; Rounds, M.A.; Phillipson, C.A.; Schutzer, S.E.; Ecker, D.J. 2015. Survey of ixodes pacificus ticks in California reveals a diversity of microorganisms and a novel and widespread Anaplasmataceae species. **PLoS ONE,** v. 10. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135828.

Ewing, B.; Green, P. 1998. Basecalling of automated sequencer traces using phred. II. Error probabilities. **Genome Research**, v. 8, p. 186-194. http://genome.cshlp.org/content/8/3/186.full.html#ref-list-1T.

Ewing, B.; Hillier, L.; Wendl, M.; Green, P. 1998. Basecalling of automated sequencer traces using phred. I. Accuracy assessment. **Genome Research**, v. 8, p. 175-185. http://genome.cshlp.org/content/8/3/175.full.html#ref-list-1.

Favacho, A.R.M.; Andrade, M.N.; De Oliveira, R.C.; Bonvicino, C.R.; D'andrea, P.S.; De Lemos, E.R.S. 2015. Zoonotic *Bartonella* species in wild rodents in the state of Mato Grosso do Sul, Brazil. **Microbes and Infection**, v. 17, n. 11–12, p. 889-892. https://doi.org/10.1016/j.micinf.2015.08.014.

Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution**, v.39, n.4, p.783-791. https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x.

Fenollar, F.; Sire, S.; Raoult. D. 2005. *Bartonella vinsonii* subsp. arupensis as an Agent of Blood Culture-Negative Endocarditis in a Human. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 43, n. 2. https://doi.org/10.1128/jcm.43.2.945-947.2005.

Ferreira, M.S.; Guterres, A.; Rozental, T.; Novaes, R.L. M.; Vilar, E.M.; Oliveira, R.C.D.; Fernandes, J. Forneas, D.; Junior, A.A.; Brandão, M.L.; Cordeiro, J.L.P.; Alvarez, M.R.D. V.; Althoff, S.L.; Moratelli, R.; Cordeiro-Estrela, P.; Da Silva, R.D.; Lemos, E.R.S.D. 2018. *Coxiella* and *Bartonella* spp. in bats (Chiroptera) captured in the Brazilian Atlantic Forest biome. **BMC Veterinary Research**, v. 14, n. 1, p. 279–289. https://doi.org/10.1186/s12917-018-1603-0.

Filoni, C.; Catão-Dias, J.L.; Cattori, V.; Willi, B.; Meli, M.L.; Corrêa, S.H.R.; Marques, M.C.; Adania, C.H.; Silva, J.C.R.; Marvulo, M.F.V.; Neto, J.S.F.; Durigon, E.L.; De Carvalho, V.M.; Coutinho, S.D.; Lutz, H.; Hofmann-Lehmann, R. 2012. Surveillance using serological and molecular methods for the detection of infectious agents in captive Brazilian neotropic and exotic felids. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, v. 24, n. 1, p. 166–173. https://doi.org/10.1177/1040638711407684.

Fleischman, D.A.; Chomel, B.B.; Kasten, R.W.; André, M.R.; Gonçalves, L.R.; Machado, R.Z. 2014. *Bartonella clarridgeiae* and *Bartonella vinsonii* subsp. berkhoffii exposure in captive wild canids in Brazil. **Epidemiology & Infection**, v. 143, n. 3, p. 573–577. doi:10.1017/S0950268814001277.

Fontalvo, M.C.; Favacho, A.R.M.; Araujo, A.C.; Santos, N.M.; Oliveira, G.M.B.; Aguiar, D.M.; De Lemos, E.R.S.; Horta, M.C. 2017. *Bartonella* species pathogenic for humans infect pet, free-ranging wild mam-mals and their ectoparasites in Caatinga biome, Northeastern Brazil: A serological and molecular study. **The Brazilian Journal of Infectious Diseases**, v. 21, n. 3, p. 290–296. https://doi.org/10.1016/j.bjid.2017.02.002.

Friedman, C.S.; Andree, K.B.; Beauchamp, K.A.; Moore, J.D.; Robbins, T.T.; Shields, J.D.; Hedrick, R.P. 2000. '*Candidatus* Xenohaliotis californiensis', a newly described pathogen of abalone, *Haliotis* spp., along the west coast of North America. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 50, p. 847–855. https://doi.org/10.1099/00207713-50-2-847.
Glez-Peña, D.; Gómez-Blanco, D.; Reboiro-Jato, M.; Fdez-Riverola, F.; Posada D. 2010. ALTER: program-oriented conversion of DNA and protein alignments. **Nucleic Acids Research**, v. 38, n. 2, p. 14- 18. https://doi.org/10.1093/nar/gkq321.

Gofton, A.W.; Doggett, S.; Ratchford, A.; Ryan, U.; Irwin, P. 2016. Phylogenetic characterisation of two novel Anaplasmataceae from Australian *Ixodes holocyclus* ticks: '*Candidatus* Neoehrlichia australis' and '*Candidatus* Neoehrlichia arcana.' **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology** v. 66, n. 10, p. 4256–4261. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.001344.

Gonçalves, L.R.; Favacho, A.R.D.M.; Roque, A.L.R.; Mendes, N.S.; Fidelis Junior, O.L.; Benevenute, J.L.; Herrera, H.M.; D'andrea, P.S.; De Lemos, E.R.S.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2016. Association of *Bartonella* species with wild and synanthropic rodents in different Brazilian biomes. **Applied and Environmental Microbiology**, v. 82, n. 24, p. 7154–7164. DOI: https://doi.org/10.1128/AEM.02447-16.

Gonçalves, L.R.; Herrera, H.; Nantes, W.; Santos, F.; De Oliveira Porfírio, G.; Barreto, W.; Carvalho De Macedo, G.; De Oliveira Assis, W.; Campos, J.V.; Da Silva, T.V.; Mariano, L.C.; Barros-Battesti, D.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2020. Genetic diversity and lack of molecular evidence for hemoplasma cross species transmission between wild and synanthropic mammals from Central Western Brazil. **Acta tropica**, v. 203. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2019.105303.

Gonçalves, L.R.; Roque, A.L.; Matos, C.A.; Fernandes, S.J.; Olmos, I.D.F.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2015. Diversity and molecular characterization of novel hemoplasmas infecting wild rodents from diferente Brazilian biomes. **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 43, p. 50–56. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.10.006.

Grazziotin, A.L.; Duarte, J.M.; Szabó, M.P.; Santos, A.P.; Guimarães, A.M.; Mohamed, A.; Vieira, R.F.; De Barros Filho, I.R.; Biondo, A.W.; Messick, J.B. 2011. Prevalence and molecular characterization of *Mycoplasma ovis* in selected free-ranging Brazilian deer populations. **Journal of wildlife diseases**, v. 47, n. 4, p. 1005–1011. https://doi.org/10.7589/0090-3558-47.4.1005.

Greiman, S.E.; Tkach, V.V.; Pulis, E.; Fayton, T.J.; Curran, S.S. 2014. Large Scale Screening of Digeneans for *Neorickettsia* Endosymbionts Using Real-Time PCR Reveals New *Neorickettsia* Genotypes, Host Associations and Geographic Records. **PLoS ONE**, v. 9, n. 6. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0098453.

Guillemi, E.C.; De La Fourniere, S.; Orozco, M.; Martinez, J.P.; Correa, E.; Fernandez, J.; Arias, L.L.; Paoletta, M.; Corona, B.; Pinarello, V.; Wilkowsky, S.E.; Farber, M.D. 2016. Molecular identification of *Anaplasma marginale* in two autochthonous South American wild species revealed an identical new genotype and its phylogenetic relationship with those of bovines. **Parasites & Vectors**, v. 9, n. 305. https://doi.org/10.1186/s13071-016-1555-9.

Guimaraes, A.M.S.; Santos, A.P.; Do Nascimento, N.C.; Timenetsky, J.; Messick, J.B. 2014. Comparative Genomics and Phylogenomics of Hemotrophic Mycoplasmas. **PLoS ONE** v. 9, n. 3. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0091445.

Guimaraes, A., Brandão, P.E., Moraes, W., Kiihl, S., Santos, L.C., Filoni, C.; Cubas, Z.S.; Robes, R.R.; Marques, L.M.; Neto, R.L.; Yamaguti, M.; Oliveira, R.C.; Catão-Dias, J.L.; Richtzenhain, L.J.; Messick, J.B.; Biondo, A.W.; Timenetsky, J. 2009. Detection of *Bartonella* spp. in neotrop-ical felids and evaluation of risk factors and hematological abnor-malities associated with infection. **Veterinary Microbiology**, v. 142, n. 3–4, p. 346–351. https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.10.002.

Gynthersen, R.M.M.; Stensvold, C.R.; Nielsen, S.L.; Møller H.J.; Nielsen H. V.; Lebech, A.M.; Christensen, J.R.; Mens, H.; El Fassi, D. 2023. *Neoehrlichia mikurensis*-An emerging opportunistic tick-borne infection in immunosuppressed patients. **Journal of Internal Medicine**, v. 293, n. 6, p. 782-790. https://doi.org/10.1111/joim.13638.

Hall, T. A. 1999. 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.

Huarcayai, E.; Maguiñai, C.; Torresii, R.; Rupayi, J.; Fuentesiii, L. 2004. Bartonelosis (Carrion's Disease) in the pediatric population of Peru: an overview and update. **Brazilian Journal of Infectious Diseases**, v. 8, n. 5. https://doi.org/10.1590/S1413-86702004000500001.

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.; André, M.R. 2017. Evidence and molecular characterization of *Bartonella* spp. and hemoplasmas in neotropical bats in Brazil. **Epidemiology and Infection**, v. 145, n. 10, p. 1–15. doi:10.1017/S0950268817000966.

Ikeda, P.; Torres, J.M.; Perles, L.; Lourenço, E.C.; Herrera, H.M.; De Oliveira, C.E.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2020. Intra- and Inter-Host Assessment of Bartonella Diversity with Focus on Non-Hematophagous Bats and Associated Ectoparasites from Brazil. **Microorganisms,** v. 8, n. 11. https://doi.org/10.3390/microorganisms8111822.

Ikeda, Y.; Kang, H.; Kim, Y.K.; Oh, H.S.; Motokawa, M. 2023. Nasal bone variability in two Japanese horseshoe bats revealed by 3-dimensional geometric morphometrics. **Acta Chiropterologica**, v. 25, n. 2, p. 339-349. https://doi.org/10.3161/15081109ACC2023.25.2.012.

Inayoshi, M.; Naitou, H.; Kawamori, F.; Masuzawa, T.; Ohashi, N. 2004. Characterization of *Ehrlichia* species from *Ixodes ovatus* ticks at the foot of Mt. Fuji, Japan. **Microbiology and Immunology**, v. 48, p. 737–745. https://doi.org/10.1111/j.1348-0421.2004.tb03599.x.

IUCN (2023) The red list. Disponível em: https://www.iucnredlist.org/species/ Acesso em:30 janeiro de 2024.

Jacomo, V.; Kelly, P.J.; Raoult, D. 2002. Natural History of *Bartonella* Infections (an Exception to Koch's Postulate). **Clinical and Vaccine Immunology**, v. 9, n. 1. https://doi.org/10.1128/CDLI.9.1.8-18.2002.

Johnson, G.; Ayers, M.; Mcclure, S.C.C.; Richardson, S.E.; Tellien, R. 2003. Detection and identification of *Bartonella* Species pathogenic for humans by PCR amplification targeting the riboflavin synthase gene (*ribC)***. Journal of Clinical Microbiology**, v.41, n.3, p.1069-1072. https://doi.org/10.1128/jcm.41.3.1069-1072.2003.

Kabeya, H.; Colborn, J.M.; Bai, Y.; Lerdthusnee, K.; Richardson, J.H.; Maruyama, S.; Kosoy, M.Y. 2010. Detection of *Bartonella tamiae* DNA in Ectoparasites from Rodents in Thailand and Their Sequence Similarity with Bacterial Cultures from Thai Patients. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 10, n. 5. https://doi.org/10.1089/vbz.2009.0124.

Karbowiak, G.; Biernat, B.; Stanczak, J.; Werszko, J.; Wróblewski, P.; Szerwczyk, T.; Sytykiewicz, H. 2016. The role of particular ticks developmental stages in the circulation of tick-borne pathogens in Cental Europe. **Annals of Parasitology,** v. 62, p. 267- 284. doi: 10.17420/ap6204.62.

Kerkhoff, F.T.; Bergmans, A.M.C.; Van Der Zee, A.; Rothova, A. 1999. Demonstration of *Bartonella grahamii* DNA in Ocular Fluids of a Patient with Neuroretinitis. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 37, n. 12. https://doi.org/10.1128/jcm.37.12.4034-4038.1999.

Klink, C. A.; Machado, R. B. 2005. A conservação do Cerrado brasileiro. **Megadiversidade**, v. 1, n. 1, p. 147-155.

Kluyber, D.; Attias, N.; Alves, M. H.; Alves, A. C.; Massocato, G.; Desbiez, A. L. J. 2021. Physical capture and chemical immobilization procedures for a mammal with singular anatomy: the giant anteater (*Myrmecophaga tridactyla*). **European Journal of Wildlife Research**, v. 67, n. 4. https://doi.org/10.1007/s10344-021-01503-4.

Kluyber, D.; Desbiez, A.; Attias, N.; Massocato, G.; Gennari, S.; Soares, H.; Baglagli, E.; Bosco, S.; Garces, H.; Ferreira, J.; Fontes, A.; Suffys, P.; Meireles, L.; Luna, E.; Jansen, A.; Roque, A. 2020. Zoonotic parasites infecting free-living armadillos from Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 68, n. 3, p. 1639- 1651. https://doi.org/10.1111/tbed.13839.

Kluyber, D.; Lopez, R. P. G.; Massocato, G.; Attias, N.; Desbiez, A. L. J. 2020. Anesthesia and surgery protocols for intra-abdominal transmitter placement in four species of wild armadillo. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 51, n. 3, p. 514-526. https://doi.org/10.1638/2017-0194.

Kreutz, K.; Fischer, F.; Linsenmair, K. E. 2009. Observations of Intraspecific Aggression in Giant Anteaters (*Myrmecophaga tridactyla*). **Edentata**, v. 10, p. 6-7 https://doi.org/10.1896/020.010.0107

Krügel, M.; Król, N.; Kempf, V.A.J.; Pfeffer, M.; Obiegala, A. 2022. Emerging rodentassociated *Bartonella*: a threat for human health**? Parasites & Vectors**, v. 15, n. 113. https://doi.org/10.1186/s13071-022-05162-5.

Kwan, J.C.; Schmidt, E.W. 2013. Bacterial endosymbiosis in a chordate host: Long-term co-evolution and conservation of secondary metabolism. **PLoS ONE,** v. 8. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0080822.

Lamas, C.; Curi, A.; Bóia, M.N.; Lemos, E.R.S. 2008. Human bartonellosis: seroepidemiological and clinical features with an emphasis on data from Brazil - A Review. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v.103, n.3, p. 221-235. https://doi.org/10.1590/S0074-02762008000300001.

Leibler, J.H.; Zakhour, C.M.; Gadhoke, P.; Gaeta, J.M. 2016. Zoonotic and Vector-Borne Infections Among Urban Homeless and Marginalized People in the United States and Europe, 1990–2014. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v.16, n. 7. https://doi.org/10.1089/vbz.2015.1863.

Lin, E.Y.; Tsigrelis, C.; Baddour, L.M.; Lepidi, H.; Rolain, J.M.; Patel, R.; Raoult, D. 2010. *Candidatus* Bartonella mayotimonensis and Endocarditis. **Emerging Infectious Disease**, v. 16, n. 3, p. 500–503. doi: 10.3201/eid1603.081673.

Lopes, L.C. 2013. Hemoparasitoses em animais de companhia: erliquiose, babesiose e micoplasmose. Estudo de casos clínicos. 116f. Dissertação (Mestrado) – Universidade de Trás-os-montes e Alto Douro, Vila Real.

Lopes, M.G.; Muñoz-Leal, S.; De Lima, J.T.R.; Fournier, G.F.D. S. R.; Acosta, I.C.L.; Martins, T.F.; Ramirez, D.G.; Gennari, S.M.; Labruna, M.B. 2018. Ticks, rickettsial and erlichial infection in small mammals from Atlantic forest remnants in northeastern Brazil. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife** v. 7, p. 380-385. https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2018.10.001.

Machado, R.Z.; André, M.R.; Werther, K.; De Sousa, E.; Gavioli, F.A.; Alves Junior, J.R.F. 2012. Migratory and carnivorous birds in Brazil: reservoirs for *Anaplasma* and *Ehrlichia* species?. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases,** v. 12, p. 705-708. https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0803

Machado, R.Z.; Duarte, J.M.B.; Dagnone, A.S.; Szabó, M.P.J. 2006. Detection of *Ehrlichia chaffeensis* in Brazilian marsh deer (*Blastocerus dichotomus*). **Veterinary Parasitology**, v. 139, n.1–3, p. 262-266. https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2006.02.038.

Maggi, R.G.; Breitschwerdt, E.B. 2005. Isolation of bacteriophages from *Bartonella vinsonii* subsp. *berkhoffii* and the characterization of *Pap31* gene sequences from bacterial and phage DNA. **Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology**, v. 9, n. 1, p. 44-51. https://doi.org/10.1159/000088145.

Maggi, R.G.; Chitwood, M.C.; Kennedy-Stoskopf, S.; Deperno, C.S. 2013b. Novel hemotropic *Mycoplasma* species in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*). **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 36, n. 6, p. 607-611. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2013.08.001.

Maggi, R.G.; Compton, S.M.; Trull, C.L.; Mascarelli, P.E.; Mozayeni, B.R.; Breitschwerdt, E.B. 2013a. Infection with hemotropic mycoplasma species in patients with or without extensive arthropod or animals contact. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 51, n. 10, p. 3237–3241. https://doi.org/10.1128/jcm.01125-13.

Maggi, R.; Breitschwerdt, E.B.; Qurollo, B.; Miller, J.C. 2021. Development of a Multiplex Droplet Digital PCR Assay for the Detection of *Babesia*, *Bartonella*, and *Borrelia* Species. **Pathogens,** v. 10, n. 11 p. 1462. https://doi.org/10.3390/pathogens10111462.

Margileth, A.M.; Baehren, D.F. 1998. Chest-Wall Abscess Due to Cat-Scratch Disease (CSD) in an Adult with Antibodies to *Bartonella clarridgeiae*: Case Report and Review of the Thoracopulmonary Manifestations of CSD. **Clinical Infectious Diseases**, v.27, n. 2, p. 353–357. https://doi.org/10.1086/514671.

Martins, A. B., da Silva, K. F. M., Fialho, M. S. Miranda, F. R. 2015. Avaliação do Risco de Extinção dos Xenartros Brasileiros. **Série Estado de Conservação da Fauna Brasileira -** Nº 2 editor Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade – Brasília.

Martins, T. F.; Yogui, D. R.; Alves, M. H.; Kluyber, D.; Massocato, G.; Labruna, M. B.; Desbiez, A. L. J. 2023. Surveillance of ticks (Acari: Ixodidae) on monitored free-ranging giant anteaters and on road-killed anteaters and armadillos in the State of Mato Grosso do Sul, Midwestern Brazil. **Systematic & Applied Acarology**, v. 28, n. 4, p. 641–646. https://doi.org/10.11158/saa.28.4.1

Massung, R.F.; Slater, K.; Owens, J.H.; Nicholson, W.L.; Mather, T.N.; Solberg, V.B.; Olson, J.G. 1998. Nested PCR Assay for Detection of Granulocytic Ehrlichiae, **Journal of Clinical Microbiology**. V. 36, n. 4. https://doi.org/10.1128/jcm.36.4.1090-1095.1998.

Mcdonough, C.M. 1997.Pairing behavior of the nine-banded armadillo (*Dasypus novemcinctus*). **American Midland Naturalist**, v. 138, p. 290-298. https://doi.org/10.2307/2426822.

Melo, A.L.T.; Luo, T.; Zhang, X.; Muraro, L.S.; Pereira, N.A.; Cabezas-Cruz, A. Dantas-Torres, F.; Mcbride, J.W.; De Aguiar, D.M. 2021. Serological evidence of *Ehrlichia minasensis* infection in Brazilian dogs. **Acta Tropica**, v. 219. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.105931.

Millán, J.; Di Cataldo, S.; Volokhov, D.V.; Becker, D.J. 2020. Worldwide occurrence of haemoplasmas in wildlife: Insights into the patterns of infection, transmission, pathology and zoonotic potential. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 68, n. 6. https://doi.org/10.1111/tbed.13932.

Miller, M.A.; Pfeiffer, W.; Schwartz, T. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees In Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE), p. 01-08. DOI: 10.1109/GCE.2010.5676129.

Mongruel, A.C.B.; Medici, E.P.; Canena, A.C.; Calchi, A.C.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2022. Expanding the Universe of Hemoplasmas: Multi-Locus Sequencing Reveals Putative Novel Hemoplasmas in Lowland Tapirs (*Tapirus terrestris*), the Largest Land Mammals in Brazil. **Microorganisms**, v. 10, p. 614. https://doi.org/10.3390/microorganisms10030614.

Mongruel, A.C.; Benevenute, J.L.; André, M.R.; Carrasco, A.O.; Machado, R.Z.; Seki, M.C. 2017. Molecular characterization of *Anaplasma* sp. in free-living gray brockets (*Mazama gouazoubira*). **Vector Borne Zoonotic Diseases,** v. 17, p. 165-171. https://doi.org/10.1089/vbz.2016.2026.

Mongruel, A.C.B.; Spanhol, B., Valente, Vc., Porto, Jdm., Ogawa, Pp. Otomura, L., Vieira, Rfc. 2020. Survey of vector-borne and nematode parasites involved in the etiology of anemic syndrome in sheep from Southern Brazil. **Brazilian Journal of Veterinary Parasitology**, v. 29, n. 3. https://doi.org/10.1590/S1984-29612020062.

Müller, A.; Monti, G.; Otth, C.; Sepúlveda, P.; Bittencourt, P.; Nachum-Biala, Y.; Gutiérrez, R.; Harrus, S. 2018. "*Candidatus* Neoehrlichia chilensis" sp. nov.: Molecular detection and characterization of a novel Anaplasmataceae in wild rodents from Valdivia, southern Chile. **Transboundary and Emerging Diseases,** v. 65, p. 357–362. https://doi.org/10.1111/tbed.12815.

Mullins, K.E.; Hang, J.; Jiang, J.; Leguia, M.; Kasper, M.R.; Ventosilla, P.; Maguiña, C.; Jarman, R.G.; Blazes, D.; Richards, A.L. 2015. Description of *Bartonella ancashensis* sp. nov., isolated from the blood of two patients with verruga peruana. **International Journal of Systematic and Evulutonary Microbiology**, v. 65, n.10. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000416.

Muraro, L.S.; Souza, A.O.; Leite, T.N.S.; Cândido, S.L.; Melo, A. L.T.; Toma, H.S.; Carvalho, M.B.; Dutra, V.; Nakazato, L.; Cabezas-Cruz, A.; De Aguiar, D.M. 2021. First Evidence of *Ehrlichia minasensis* Infection in Horses from Brazil. **Pathogens**, v. 10, n. 3. https://doi.org/10.3390/pathogens10030265.

Neimark, H.; Peters, W.; Robinson, B. L.; Stewart, L. B. 2005. Phylogenetic analysis and description of *Eperythrozoon coccoides*, proposal to transfer to the genus *Mycoplasma* as *Mycoplasma coccoides* comb. nov. and Request for an Opinion. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 55, n. 3. https://doi.org/10.1099/ijs.0.63437-0

Nicholson, W.L. 2018. Family Anaplasmataceae (Anaplasmosis, Ehrlichiosis, Neorickettsiosis, and Neoehrlichiosis), 5th ed.; Elsevier Inc.: Amsterdam, The Netherlands. DOI: 10.1016/B978-0-323-40181-4.00170-5.

Norman, A.F.; Regnery, R.; Jamenson, P.; Greene, C.; Krause, D.C. 1995. Differentiation of *Bartonella*-like isolates at the species level by PCR restriction fragment length polymorphism in the citrate synthase gene. **Journal of Clinical Microbiology**, v.33, n.7, p.1797-1803. https://doi.org/10.1128/jcm.33.7.1797-1803.1995.

O'nion, V.L.; Montilla, H.J.; Qurollo, B. A.; Maggi, R.G.; Hegarty, B.C.; Tornquist, S.J.; Breitschwerdt, E.B. 2015. Potentially novel *Ehrlichia* species in horses, Nicaragua. **Emerging Infectious Diseases,** v. 21, p. 335–338. doi: 10.3201/eid2102.140290.

Oh, M.R; Moon, K.H; Kim, S.Y; Kim, Y.G.; Choi, C.Y; Kang, C.W; Kim, H.J; Lee, K.K.; Yun, Y.M. 2014. Prevalence of *Anaplasma* sp. in Thrushes (Family Turdidae) in Jeju Island, Republic of Korea. **Journal of Veterinary Clinics**, v. 31, n. 3, p. 206-211. http://dx.doi.org/10.17555/ksvc.2014.06.31.3.206.

Okaro, U.; Addisu, A.; Casanas, B.; Andersona, B. 2017. *Bartonella* Species, an Emerging Cause of Blood-Culture-Negative Endocarditis. **Clinical Microbiology,** v. 30, n. 3, p. 709 – 746. DOI: https://doi.org/10.1128/cmr.00013-17.

Oteo, J.A.; Maggi, R.; Portillo, A.; Bradley, J.; Garcia-Á´ Lvarez, L.; San-Martin, M.; Roura, X.; Breitschwerdt, E. 2017. Prevalence of *Bartonella* spp. By Culture, PCR and Serology, in Veterinary Personnel From Spain. **Parasites & Vectors,** v. 10, n. 553. https://doi.org/10.1186/s13071-017-2483-z.

Ouass, S.; Boulanger, N.; Lelouvier, B.; Insonere, J.L.M.; Lacroux, C.; Krief, S.; Asalu, E.; Rahola, N.; Duron, O. 2023. Diversity and phylogeny of the tick-borne bacterial genus *Candidatus* Allocryptoplasma (Anaplasmataceae). **Parasite,** v. 30, n. 13. doi: 10.1051/parasite/2023014.

Paziewska, A.; Harris, P.D.; Zwolińska, L.; Bajer, A.; Siński, E. 2011. Recombination within and between species of the alpha proteobacterium *Bartonella* infecting rodents. **International Society for Microbial Ecology**, v.61, n.1, p.134-145. https://doi.org/10.1007/s00248-010-9735-1.

Perles, L.; Barreto, W.T.G.; Santos, F.M.; Duarte, L.L.; De Macedo, G.C.; Barros-Battesti, D.M.; Herrera, H.M.; Machado, R.Z.; André, M.R. 2023b. Molecular Survey of Hemotropic *Mycoplasma* spp. and *Bartonella* spp. in Coatis (*Nasua nasua*) from Central-Western Brazil. **Pathogens**, v. 12, n. 4. https://doi.org/10.3390/pathogens12040538.

Perles, L.; Moraes, M.F.; Xavier Da Silva, M.; Vieira, R.F.C.; Machado, R.Z.; Lux Hoppe E.G.; André, M.R. 2023a. Co-infection by multiple vector-borne agents in wild ring-tailed coatis (*Nasua nasua*) from Iguaçu National Park, southern Brazil. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1828. https://doi.org/10.1038/s41598-023-29090-1.

Picoloto, G.; Lima, R.F.; Olegario, L.A.O.; Carvalho, C.M.E.; Lacerda, A.C.R.; Tomas, W.M. 2010. Real time polymerase chain reaction to diagnose *Anaplasma marginale* in cattle and deer (*Ozotoceros bezoarticus leucogaster*) of the Brazilian Pantanal. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária,** v. 19, p. 186-188. https://doi.org/10.1590/S1984-29612010000300012.

Raoult, D.; Roblot, F.; Rolain, J.M.; Besnier, J.M.; Loulergue, J.; Bastides, F.; Choutet, P. 2006. First Isolation of *Bartonella alsatica* from a Valve of a Patient with Endocarditis. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 44, n. 1. https://doi.org/10.1128/jcm.44.1.278-279.2006.

Regnery, R.L.; Anderson, B.E.; Clarridge, J.E.; Rodriguez-Barradas, M.C.; Jones, D.C.; Carr, J.H. 1992. Characterization of a novel Rochalimaea species, R. henselae sp. nov., isolated from blood of a febrile, human immunodeficiency virus-positive patient. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 30, n. 2. https://doi.org/10.1128/jcm.30.2.265-274.1992.

Rejmanek, D.; Bradburd, G.; Foley, J. 2012. Molecular characterization reveals distinct genospecies of *Anaplasma phagocytophilum* from diverse North American hosts. **Journal of Medical. Microbiology**, v. 61, n. 2, p. 204-212. https://doi.org/10.1099/jmm.0.034702-0.

Renesto, P.; Gouvernet, J.; Drancourt, M.; Roux, V.; Raoult, D. 2001. Use of rpoB gene analysis for detection and identification of *Bartonella* species. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 39, n. 2, p. 430-437. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.39.2.430-437.2001

Richini-Pereira, V.B.; Bosco, S.M.; Theodoro, R.C.; Barrozo, L.; Pedrini, S.C.; Rosa, P.S. 2009. Importance of xenarthrans in the eco-epidemiology of Paracoccidioides brasiliensis. **BMC Research Notes**, v. 2, n. 228. https://doi.org/10.1186/1756-0500-2-228.

Rikihisa, Y. 1991. The tribe Ehrlichieae and ehrlichial diseases. **Clinical microbiology Reviews,** v. 4, n. 3, p. 286–308. DOI: https://doi.org/10.1128/cmr.4.3.286.

Ronquist, F.; Huelsenbeck, J.P. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, n. 12, p. 1572-1574. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg180.

Roux, V.; Eykyn, S.J.; Wyllie, S.; Raoult, D. 2000. *Bartonella vinsonii* subsp.*berkhoffii* as an Agent of Afebrile Blood Culture-Negative Endocarditis in a Human. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 38, n. 4. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.38.4.1698-1700.2000.

Ruiz, J. 2022. *Bartonella bacilliformis*: a forgotten killer. **Journal of Medical Microbiology**, v. 71, n. 12. https://doi.org/10.1099/jmm.0.001614.

Sacchi, A.B.V.; Duarte, J.M.B.; André, M.R.; Machado, R.Z. 2012. Prevalence and molecular characterization of Anaplasmataceae agents in free-ranging Brazilian marsh deer (*Blastocerus dichotomus*). **Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases**, v. 35, p. 325-334. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2012.02.001.

Sanger, F.; Nicklen, S.; Coulson, A. R. 1977. DNA sequencing with chain-Terminating inhibitors. Proceedings de the National Academy de Sciences de the United States de America, Washington, v. 74, n. 12, p. 5463-5467. https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463.

Sanogo, Y.O.; Zeaiter, Z.; Caruso, G.; Merola, F.; Shpynov, S.; Brouqui, P.; Raoult, D. 2003. *Bartonella henselae* in *Ixodes ricinus* Ticks (Acari: Ixodida) Removed from Humans, Belluno Province, Italy. **Emerging Infectious Diseases**, v. 9, n. 3, p. 329–332. doi: 10.3201/eid0903.020133.

Shaw, J.K. 1985. The hemoflagellates of sloths, vermilinguas (anteaters) and armadillos, 279-292 In: Montgomery, G. G. (Ed.). The evolution and ecology of armadillos, sloths and vermilinguas, Smithisonian Institution Press, Washington and London, p.451.

Silva, S., Santos, P., Molina, K., Lopes, A., Braga, F., Ohana, A., Miranda, F., & Bertassoni, A. 2020. Incêndios contra a sobrevivência de Xenarthra: tamanduás, tatus e preguiças. **Boletim Do Museu Paraense Emílio Goeldi - Ciências Naturais**, v. 15, n. 3, p. 523-532. https://doi.org/10.46357/bcnaturais.v15i3.214

Silva-Santos, M.; Matos, P.T.D.; Lima, V.F.S.; Meira-Santos, P.O.; Rocha, L.B. 2014. MICOPLASMOSE EM CÃES – RELATO DE 4 CASOS. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.10, n.19; p. 1298. https://www.conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/2363.

Silveira, J.A.; Rabelo, E.M.; Ribeiro, M.F. 2012. Molecular detection of tickborne pathogens of the family Anaplasmataceae in Brazilian Brown Brocket Deer (*Mazama gouazoubira*, Fischer, 1814) and Marsh Deer (*Blastocerus dichotomus*, Illiger, 1815). **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 59, p. 353-360. https://doi.org/10.1111/j.1865-1682.2011.01278.x.

Singh, H.; Jyoti, Haque, M.; Singh, N. K.; Rath, S. S. 2012. Molecular detection of *Anaplasma marginale* infection in carrier cattle. **Ticks and Tick-borne Diseases,** v. 3, n. 1, p. 55-58. https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2011.10.002.

Soares, H.S.; Marcili, A.; Barbieri, A.R.M.; Minervino, A.H.H.; Malheiros, A.F.; Gennari, S.M.; Labruna, M.B. 2017. Novel *Anaplasma* and *Ehrlichia* organisms infecting the wildlife of two regions of the Brazilian Amazon. **Acta Tropica**, v. 174, p. 82-87. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2017.07.006.

Staggemeier, R.; Venker, C.A.; Klein, D.H.; Petry, M.; Spilki, F.R.; Cantarelli, V.V. 2010. Prevalence of *Bartonella henselae* and *Bartonella clarridgeiae* in cats in the south of Brazil: a molecular study. **Memorias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 105, n. 7, p. 873–878. https://doi.org/10.1590/S0074-02762010000700006.

Stamatakis, A.; Hoover, P.; Rougemont, J. 2008. A rapid bootstrap algorithm for the RAxML Web servers. **Systematic Biology**, v. 57, n. 5, p. 758–771. https://doi.org/10.1080/10635150802429642.

Stevenson, H.L.; Bai, Y.; Kosoy, M.Y.; Montenieri, J.A.; Lowell, J.L.; Chu, M.C.; Gage, K.L. 2003. Detection of novel *Bartonella* strains and *Yersinia pestis* in Prairie dogs and their fleas (Siphonaptera: Ceratophyllidae and Pulicidae) using multiplex polymerase chain reaction. **Journal of Medical Entomology**, v. 40, n. 3, p. 329–337. https://doi.org/10.1603/0022-2585-40.3.329.

Stover, B.C.; Muller, K.F. 2010. TreeGraph 2: Combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. **BMC Bioinformatics**, v. 11, n. 7, p. 1-9. https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-7.

Sumner, J.W.; Nicholson, W.L.; Massung, R.F. 1997. PCR Amplification and Comparison of Nucleotide Sequences from the groESL Heat Shock Operon of *Ehrlichia* Species, **Journal of Clinical Microbiology***,* v. 35, n. 8. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.35.8.2087-2092.1997.

Szabó, M.P.J.; Pascoal, J.O.; Martins, M.M.; Ramos, V.N.; Osava, C.F.; Santos, A.L.Q.; Yokosawa, J.; Rezende, L.M.; Tolesano-Pascoli, G.V.; Torga, K.; De Castro, M.B.; Suzin, A.; Barbieri, A.R.M.; Werther, K.; Silva, J.M.M.; Labruna, M.B. 2019. Ticks and Rickettsia on anteaters from Southeast and Central-West Brazil. **Ticks and Tick-borne Diseases, v.** 10, n. 3, p. 540-545. https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.01.008.

Tabara, K.; Arai, S.; Kawabuchi, T.; Itagaki, A.; Ishihara, C.; Satoh, H.; Okabe, N.; Tsuji, M. 2007. Molecular survey of *Babesia microti*, *Ehrlichia* species and *Candidatus* Neoehrlichia mikurensis in wild rodents from Shimane Prefecture, Japan. **Microbiology and Immunology**, v. 51, n. 4, p. 359–367. https://doi.org/10.1111/j.1348-0421.2007.tb03923.x.

Taber, F. W. 1945. Contribution on the life history and ecology of the nine-banded armadillo. **Journal of Mammalogy**, v. 26, n. 3, p. 211-226. https://doi.org/10.2307/1374817.

Thompson, J.D.; Higgins, D.G.; Gibson, T.J. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice. **Nucleic Acids Research**, v.22, n. 22 p.1673-4680. https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673.

Tully, J.G.; Bove, J.M.; Laigret, F.; Whiscomb, R.F. 1993. Revised taxonomy of the class Mollicutes: proposed elevation of a monophyletic cluster of arthropod-associated mollicutes to the ordinal rank (Entomoplasmatales ord. nov.), with provision for familial rank to separate species with nonhelical morphology (Entoplasmataceae farm. nov.) from helical species (Spiroplasmataceae), and emended descriptions of the order Mycoplasmatales, family Mycoplasmataceae. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology**, v. 43, n. 2, p. 378-385. https://doi.org/10.1099/00207713-43-2-378.

Vidal, R.A.C. 2013. Rastreio de agentes de doenças caninas de transmissão vectorial numa população de cães com funções militares policiais. 94f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Técnica de Lisboa, Faculdade de Medicina Veterinária, Lisboa.

Walker, R.L. 2003. Mollicutes. In: Hirsh, D.C. & Chung, Y. editors. Microbiologia veterinária. 2 ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan.

Welinder-Olsson, C.; Kjellin, E.; Vaht, K.; Jacobsson, S.; Wenneras, C. 2010. First case of human "*Candidatus* Neoehrlichia mikurensis" infection in a febrile patient with chronic lymphocytic leukemia. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 48, n. 5, p. 1956-1959. DOI: https://doi.org/10.1128/jcm.02423-09.

Widmer, C.E.; Azevedo, F.C.C.; Almeida, A.P.; Ferreira, F.; Labruna, M.B. 2001. Tick-Borne Bacteria in Free-Living Jaguars (*Panthera onca*) in Pantanal, Brazil. **Vector-Borne and Zoonotic Diseases**, v. 11, n. 8. https://doi.org/10.1089/vbz.2011.0619.

Zhang, Y.; Lv, Y.; Zhang, F.; Zhang, W.; Wang, J.; Cui, Y.; Wang, R.; Jian, F.; Zhang, L.; Ning, C. 2016. Molecular and phylogenetic analysis of *Anaplasma* spp. in sheep and goats from six provinces of China. **Journal of Veterinary Science**; v. 17, n. 4 p. 523-529. doi: 10.4142/jvs.2016.17.4.523.

Material Suplementar Tabela SM1. Descrição dos oligonucleotídeos iniciadores, tamanhos dos amplicons e sequências térmicas utilizadas nos ensaios de PCR para triagem e caracterização para *Anaplasma* spp. e *Ehrlichia* spp.

Agente (Gene)	Sequências dos oligonucleotídeos iniciadores	Tamanho do amplicon (pb)	Sequências térmicas	Referências
Triagem *Anaplasma* spp. (16S rRNA) - gE3a - gE10R - gE2 - gE9f	5'-CACATGCAAGTCGAACGGATTATTC-3' 5'-TTCCGTTAAGAAGGATCTAATCTCC-3' 5'-GGCAGTATTAAAAGCAGCTCCAGG-3' 5'-AACGGATTATTCTTTATAGCTTGCT-3'	932 546	94°C por 5 minutos; 40 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 55°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 5 minutos As condições da Nested serão as mesmas, exceto número de ciclo que serão 30	Massung et al.,1998
***Ehrlichia* spp.** (*dsb*) -P300 -P720 -P380 -P720	5′-GATGATGTCTGAAGATATSAAACAAAT-3′ 5′-CTATTTTACTTCTTAAAGTTGATAWATC-3′. 5′-ATTTTTAGRGATTTTCCAATACTTGG-3′ 5′-CTATTTTACTTCTTAAAGTTGATAWATC-3′.	401 349	94°C por 3 minutos; 35 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 50°C e 30 segundos a 72°C; 72°C por 10 minutos; 94°C por 3 minutos: 30 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 50,4°C e30 segundos a 72°C; 72°C por 1 minuto	Almeida et al., 2013
Caracterização *Anaplasma* spp./ *Ehrlichia* spp. (ITS - 23S-5S)	5′-AGGACTGACTCTAGTAA CGAG-3′. 5′-CTCCCATGTCTTAAGACAAA G-3′.	300	94°C por 5 minutos; 35 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 58°C e 1 minuto	Rejmanek et al., 2012

-ITS 2F -ITS2R			a 72°C; 72°C por 5 minutos	
***Anaplasma* spp./ *Ehrlichia* spp.** (*gltA*) F4b R1b EHR-CS136F EHR-CS778R	5′-CCAGGCTTTATGTCAACTGC-3′ 5′-CGATGACCAAAACCCAT-3′ 5′-TTYATGTCYACTGCTGCKTG-3′ 5′-GCNCCMCCATGMGCTGG-3′	800 650	94°C por 5 minutos; 40 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 55°C e 1 minutos a 72°C; 72°C por 10 minutos; 94°C por 5 minutos; 34 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 55°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 10 minutos	Gofton et al., 2016 Müller et al., 2018
***Anaplasma* spp./ *Ehrlichia* spp.** (*groEL*) -HS1a -HS6a -HS43 -HSVR	HS1a (5′-AIT GGG CTG GTA ITG AAA T-3′) and HS6a (5′-CCI CCI GGI ACI AIA CCT TC-3′) HS43 (5′-AT[A/T] GC[A/T] AA[G/A] GAA GCA TAG TC-3′) and HSVR (5′-CTC AAC AGC AGC TCT AGT AGC-3′)	1300 1297	3 ciclos: 94°C por 1 minuto 48°C por 2 minutos e 72°C por 90 segundos; 37 ciclos: 94°C por 1 minuto, 48°C por 2 minutos, 72°C por 90 segundos e 72°C por 5 minutos.	Sumner et al., 1997
***Anaplasma* spp./ *Ehrlichia* spp.** (*groEL*) groEL-1F groEL-1R groEL-2F groEL-2R	 5’-TATAGCTAGCATAATTACCCAGAGC-3’ 5’-GGTTAGTTCTGCTTTCGATGC-3’ 5’-TTATGTCTATGCGCCGTG-3’ 5’-CGGACCTTGCCACATTTT-3’	842 339	94°C por 3 minutos; 30 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 55°C e 1h e 30 minutos a 72°C; 72°C por 10 minutos; 94°C por 3 minutos; 30 ciclos: 30 segundos a	Zhang et al., 2016

			94°C, 30 segundos a 55°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 10 minutos	
***Anaplasma* spp.** (*msp4*) MSP45 MSP43	5-GGGAGCTCCTATGAATTACAGAGAATTGTTTAC-3 5-CCGGATCCTTAGCTGAACAGGAATCTTGC-3	~870	94°C por 30 segundos; 34 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 60°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 5 minutos	De la Fuente et al., 2007
***Anaplasma* spp.** (*msp5*) Amar msp5 eF Amar msp5 eR Amar msp5 iF:	GCA TAG CCT CCG CGT CTT TC TCC TCG CCT TGG CCC TCA GA TAC ACG TGC CCT ACC GAG TTA	458	94°C por 5 minutos; 34 ciclos: 1 minuto a 94°C, 1 minuto a 58°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 10 minutos	Singh et al., 2012
***Anaplasma* spp.** (16S rRNA) AE1 F AE1R	5'-AAG CTT AAC ACA TGC AAG TCG AA-3' 5'- AGT CAC TGA CCC AAC CTT AAA TG-3'	1406	94°C por 3 minutos; 35 ciclos: 94°C por 30 segundos, 59°C por 30 segundos e 72°C por 30 segundos; 72ºC por 5 minutos	Oh et al., 2014
***Ehrlichia* spp.** (*omp-1*) -Conp 28F1 -Conp 28R1 -Conp 28F2 -Conp 28R2	5'AT(C/T)AGT(G/C)AAA(A/G)TA(T/C)(A/G)T(G/A)CCAA-3' 5'TTA(G/A)AA(A/G)G(C/T)AAA(C/T)CT(T/G)CCTCC-3' 5'CAATGG(A/G)(T/A)GG(T/C)CC(A/C)AGA(AG)TAG-3' 5'TTCC(T/C)TG(A/G)TA(A/G)G(A/C)AA(T/G)TTTAGG-3	300	94°C por 3 minutos; 35 ciclos: 94°C por 1 minuto, 50°C por 1 minuto e 72°C por 2 minutos; 72ºC por 5 minutos	Inayoshi et al., 2004
***Ehrlichia* spp.** (*sodB*) - sodbEhr1600-F	5'- ATGTTTACTTTACCTGAACTTCCATATC-3'	600	94ºC por 3 minutos; 55 ciclos: 94ºC por 10 segundos, 58ºC por 10	O'Nion et al., 2015

sodbEhrl600-R	5’- ATCTTTGAGCTGCAAAATCCC AATT-3’		segundos e 72ºC por 15 segundos; 72ºC por 30 segundos	
***Ehrlichia* spp.** (16S rRNA) -n16S 25F -n16S 1500R -n16S 50F -N16S 1400R	5’-TCAGAACGAACGCTAGCGGT-3’ 5’-AAAGGAGGTAATCCAGCCGCAGGTTCAC-3’ 5’-TAGGCTTAACACATGCAAGTCGAACG-3’ 5’-CGGTTAGCTCACTAGCTTCGAGTAA-3’	1470	95°C por 5 minutos; 40 ciclos: 30 segundos a 95°C, 30 segundos a 56°C e 30 segundos a 72°C; 72°C por 7 minutos As condições de *nested* firam as mesmas	Greiman et al., 2014

Material Suplementar Tabela SM2. Descrição dos oligonucleotídeos iniciadores, tamanhos dos amplicons e sequências térmicas utilizadas nos ensaios de PCR de triagem e caracterizacão molecular para *Bartonella* spp.

Marcador Molecular	Sequências dos oligonucleotídeos iniciadores	Tamanho do amplicon (pb)	Sequências térmicas	Referências
16S-23S ITS	**BsppITS325S Forward** (5' – CTTCAGATGATGATCCCAAGCCTTCTGG CG – 3') **543as Reverse** (5' – AATTGGTGGGCCTGGGAGGACTTG – 3') **BsppITS500** (5' – [6FAM]GTTAGAGCGCGCGCTTGATAAG[BHQ1] – 3')	243	95ºC por 3 minutos; 45 ciclos de 94ºC por 10 segundos, 68ºC por 10 segundos, 72ºC por 10 segundos e leitura de placa; 72ºC por 30 segundos	Oteo et al., 2017
gltA	**BhCS.781p (*gltA* F)** (5' GGGGACCAGCTCATGGTGG- 3') **BhCS.1137n (*gltA* R)** (5' AATGCAAAAAGAACAGTAAACA- 3')	380-400	95ºC por 5 minutos; 35 ciclos de 95ºC por 30 segundos, 51ºC por 30 segundos e 72ºC por 2 minutos; 72ºC por 5 minutos	Norman et al., 1995
ftsZ	***ftsZ* F** (5' - CATATGGTTTTCATTACTGCYGGTATGG- 3′) ***ftsZ* R** (5' - TTCTTCGCGAATACGATTAGCAGCTTC- 3′)	515	94ºC por 2 minutos; 40 ciclos de 94ºC por 2 minutos, 61ºC por 45 segundos e 72ºC por 45 segundos; 72ºC por 7 minutos	Paziewska et al., 2011
groEL	***groEL* F** (5′ -GGAAAAAGTGGGCAATGAAG- 3′) ***groEL* R** (5′ -TCCTTTAACGGTCAACGCATT- 3′)	752	94ºC por 2 minutos; 40 ciclos de 94ºC por 2 minutos, 47ºC por 45 segundos e 72ºC por 45 segundos; 72ºC por 7minutos	Paziewska et al., 2011
nuoG	***nuoG* F** (5' -GGCGTGATTGTTCTCGTTA- 3') ***nuoG* R** (5' -CACGACCACGGCTATCAAT -3')	346	94ºC por 5 minutos; 35 ciclos de 94ºC por 30	Colborn et al., 2010)

			segundos, 53ºC por 30 segundos e 72ºC por 5 minutos; 72ºC por 5 minutos	
***pap*-31**	**165s** (5’ -GACTTCTGTTATCGCTTTGATTT- 3’) **688as** (5’ -CACCACCAGCAAMATAAGGCAT- 3’)	564	95ºC por 5 minutos; 45 ciclos 94ºC por 30 segundos, 56ºC por 30 segundos e 72ºC por 45 segundos; 72ºC por 5 minutos	Maggi e Breitschwerdt, 2005
rpoB	**1400F** (5’ -CGCATTGGCTTACTTCGTATG- 3’) **2300R** (5’ -GTAGACTGATTAGAACGCTG- 3’)	825	94ºC por 2 minutos; 35 ciclos de 94ºC por 30 segundos, 53ºC por 30 segundos e 72ºC por 1 minuto; 72ºC por 2 minutos	Renesto et al., 2001
ribC	**Barton-1** (5’ -TAACCGATATTGGTTGTGTTGAAG-3’) **Barton-2** (5’ -TAAAGCTAGAAAGTCTGGCAACATAACG- 3’)	585-588	95ºC por 10 minutos; 37 ciclos de 95ºC por 1 minutos, 51ºC por 1 minuto e 72ºC por 1 minuto; 72ºC por 3 minutos	Johnson et al., 2003

Material Suplementar Tabela SM3. Descrição dos oligonucleotídeos iniciadores, tamanhos dos amplicons e sequências térmicas utilizadas nos ensaios de PCR para triagem e caracterização molecular para hemoplasmas.

Gene	Sequências dos oligonucleotídeos	Tamanho do amplicon (pb)	Sequências térmicas	Referências
Triagem (**16S rRNA**) -Myco16S-322s -Myco16S-938as	5-GCCCATATTCCTACGGGAAGCAGCAGT-3 5-CTCCACCACTTGTTCAGGTCCCCGTC-3.	620	94°C por 2 minutos; 35 ciclos: 15 segundos a 94°C, 10 segundos a 68°C e 15 segundos a 72°C; 72°C por 30 segundos	Maggi et al., 2013[a]
Caracterização (**16S rRNA**) - HemMycop 16S-41s -Myco16S-938as	5-GYA TGC MTA AYA CAT GCA AGT CGA RCG-3= 5-CTCCACCACTTGTTCAGGTCCCCGTC-3	900	95°C por 2 minutos; 55 ciclos: 15 segundos a 94°C, 10 segundos a 68°C e 15 segundos a 72°C; 72°C por 30 segundos	Maggi et al., 2013b
(**16S rRNA**) HemMycop HemoF1 HemoR2 HemoF2	5′- AGAGTTTGATCCTGGCTCAG- 3′ 5′ TACCTTGTTACGACTTAACT 3′ 5′ ATATTCCTACGGGAAGCAGC 3′	1428 1107	95°C por 5 minutos; 35 ciclos: 30 segundos a 95°C, 30 segundos a 57°C e 1 minuto a 72°C; 72°C por 10 minuto	Di Cataldo et al., 2020
(23S rRNA) 23S_Haemo_F 23S_Haemo_R	5'-TGAGGGAAAGAGCCCAGAC-3' 5'-GGACAGAATTTACCTGACAAGG-3'	800	94°C por 3 minutos 35 ciclos: 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 54°C e 60 segundos a 72°C; 72°C por 10 minutos	Mongruel et al., 2020

Material Suplementar Tabela SM4. Resultados obtidos em ensaios quantitativos de (q)PCR em tempo real e (c)PCR convencional para *Bartonella* spp. em amostras de sangue e baço de tatus e tamanduás amostrados nos estados de Mato Grosso do Sul e São Paulo.

Estado	Espécie/ID/Amostra biológica	Triagem qPCR (ITS)							Caracterização cPCR				
		E (%)	R^2	Slope	Y-intercept	Cq	Média Cq	Média de Quantificação de cópias/µL	*gltA*	*ftsZ*	*rpoB*	*nuoG*	*pap-31*
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_01_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,2/33,68	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_02_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,74/34,84	34,79	4,8305 x 10	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_03_DOC/ Sangue*	103,1	0, 937	-3,251	35,471	34,32/34,32	34,32	6,603 x 10	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_08_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,9/36,58	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_10_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	18,17 /N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus/ ES_12_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	20,98/36,76	NQ	NQ	-	-	-	-	+
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_14_DOC/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	36,22/36,5	36,36	3,5045 x 10^{-1}	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_16_DOC/ Sangue*	103,1	0, 937	-3,251	35,471	35,93/36,24	36,085	6,506 x 10^{-1}	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_17_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	36,57/18,03	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_23_DOC/ Sangue*	103,1	0, 937	-3,251	35,471	36,67/35,9	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_25_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,87/34,92	34,895	4,486 x 10	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_29_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	38,04/36,49	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_31_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,75/37,63	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_35_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	39,02/ N	NQ	NQ	-	+	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_36_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	38,73/34,65	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_37_DOC/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	36,17/36,45	36,31	3,622 x 10^{-1}	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_39_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	35,85/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-

MS	*Euphractus sexcinctus /ES_40_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	38,04/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_43_DOC/ Sangue*	103,1	0, 937	-3,251	35,471	18,21/35 ,42	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_49_DOC/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,33/34 ,36	34,345	6,6965 x 10	-	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /ES_51_DOC/ Sangue*	99,8	0,969	-3,327	36,097	35,74/35 ,77	35,755	1,269 x 10	NS	-	-	-	-
MS	*Euphractus sexcinctus /NEC 86/* Baço	99,8	0,969	-3,327	36,097	35,01/35 ,13	35,07	2,039 x 10	NS	+	-	-	NS
MS	*Euphractus sexcinctus /NEC 80/* Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	33,41/38 ,02	NQ	NQ	NS	+	-	-	+
MS	*Priodontes maximus/ TC_36_DOC_50/ Sangue*	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,79/34 ,72	34,755	4,9605 x 10	-	-	-	+	-
MS	*Priodontes maximus/TC18 Jessica/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	20,15/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/TC 22 Mafalda/ Sangue*	99,8	0,969	-3,327	36,097	36,16/28 ,36	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/TC 33 Sara/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	38,94/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/TC 32 Gala/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	19,28/34 ,67	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/ TC 11/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	36,5/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/ TC 23/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	30,51/ N	NQ	NQ	-	-	-	+	-
MS	*Priodontes maximus/ TC 16/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	33,86/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Priodontes maximus/ TC 22/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	38,02/33 ,46	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Dasypus novemcinctus /DN02/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	37,66/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Tamandua tetradactyla /NEC 99/* Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	37,42/ N	NQ	NQ	NS	-	+	-	-
MS	*Tamandua tetradactyla /NEC 94/* Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	38,8/38, 7	38,75	7,062 x 10^{-2}	NS	-	+	-	-
MS	*Tamandua tetradactyla /NEC 108/* Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	30,78/35 ,38	NQ	NQ	-	+	+	+	-
SP	*Tamandua tetradactyla/B_53 Unesp/* Baço	107,1	0,991	-3,163	36,954	34,46/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/NEC 103/* Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	34,65/38 ,7	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/NEC 90/* Baço	99,8	0,969	-3,327	36,097	35,96/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/NEC 92/* Baço	99,8	0,969	-3,327	36,097	27,39/35 ,32	NQ	NQ	-	-	-	-	-

MS	*Myrmecophaga tridactyla/NEC 88*/ Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	38,96/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/NEC 87*/ Baço	99,8	0,969	-3,327	36,097	42,73/36 ,7	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//NEC 101*/ Baço	95,1	0,804	-3,444	34,786	36,4/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB27/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	37,62/38 ,58	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB10/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	35,44/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB31/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	32,66/32 ,45	32,555	4,449 x 10	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/TB53/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	35,68/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB14/ Sangue*	107,9	0,972	-3,146	35,416	34,29/34 ,22	34,255	2,337 x 10	-	-	-	-	+
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB72/ Sangue*	95,1	0,804	-3,444	34,786	34,37/32 ,91	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB25/ Sangue*	107,9	0,972	-3,146	35,416	37,36/37 ,57	37,465	2,2435 x 10^{-1}	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB29/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	26,28/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB03/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	34,73/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB24/ Sangue*	107,9	0,972	-3,146	35,416	35,22/40 ,27	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB02/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	36,4/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB04/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,24	33, 972	41,86/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla/TB54/ Sangue*	102,5	0, 942	-3,24	33, 973	25,05/ N	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB48/ Sangue*	107,9	0,972	-3,146	35,416	35,32/29 ,65	NQ	NQ	-	-	-	-	-
MS	*Myrmecophaga tridactyla//TB59/ Sangue*	102,5	0, 941	-3,264	33, 972	39,86/35 ,95	NQ	NQ	-	-	-	-	-

Nota: MS: Mato Grosso de Sul; SP: São Paulo; ID: identificação; E: eficiência; R^2: coeficiente de determinação; NQ: não quantificável; SQ: Média de Quantificação de cópias/µL; N: não amplificou; NS: amostra positiva, mas não sequenciada devido à baixa intensidade de produto de amplificação; +: amostra positiva e sequenciada; -: amostras negativas.