

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE JUIZ DE FORA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
BACHARELADO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**

Isadora Luquetti Nogueira

**REVISÃO SISTEMÁTICA E DIVERSIDADE DE *Trypanosoma* sp. EM RÉPTEIS:
Primeiro registro em *Pseudoboa nigra* no Parque Nacional Da Serra Da
Canastra (Minas Gerais, Brasil)**

Isadora Luquetti Nogueira

**REVISÃO SISTEMÁTICA E DIVERSIDADE DE *Trypanosoma* sp. EM RÉPTEIS:
Primeiro registro em *Pseudoboa nigra* no Parque Nacional Da Serra Da
Canastra (Minas Gerais, Brasil)**

Trabalho de conclusão de curso
apresentado ao Instituto de Ciências
Biológicas da Universidade Federal de Juiz
de Fora como requisito parcial à obtenção
do título de Bacharel em Ciências
Biológicas.

Orientadora: Prof.^a Dra. Mariana Fonseca Rossi

Juiz de Fora

2026

Dedico este trabalho à minha mãe, Ivone
Sarabia Luquetti, por todo apoio e amor.

AGRADECIMENTOS

Agradeço à minha orientadora, Prof.^a Dra. Mariana Fonseca Rossi, que sempre acreditou no meu potencial e me acolheu desde o primeiro contato, e sempre esteve disponível para me ajudar. Ao Prof. Dr. Roberto Júnio Pedroso Dias, por me ter dado tantas oportunidades e também ter acreditado em mim.

Agradeço ao Pedro Mendes de Souza, que é como um pai que nunca tive, me ensinando sempre com toda paciência do mundo, sempre que precisei ele estava lá, se tornou um grande amigo, e com certeza, uma das melhores pessoas que já conheci. À Mylena Barros de Lima, a pessoa mais especial, que desde a primeira conversa eu soube que seria minha amiga, me ajudou em todos os momentos possíveis, em todas horas inoportunas, com o maior carinho do mundo. Sem Pedro e Mylena, eu não seria quem sou hoje, e muito menos teria aprendido tudo que aprendi durante esses anos. Agradeço também, à Gabrielle Rezende e Elize Botelho, que sempre alegam o ambiente e melhoram a vivência no laboratório, obrigada por todas as risadas e fofocas.

Agradeço à todos meus amigos de faculdade, por todos os momentos vividos. Agradeço ao Adriel Werther, Cauã Fercher, Gabriel Brum, Maria Arantes, Marcelle Lima, Renato Garcia e Ruan Batalha pela amizade de vocês durante essa trajetória. Agradeço à Marcelle Lima, minha veterana, por ter me acolhido antes das aulas, me ajudado em tantas matérias, e ter sido ótima monitora e amiga. Agradeço à Ruan Batalha, um amigo que conheci na adolescência, mas naquela época não sabíamos que anos depois iríamos passar na mesma turma na faculdade, e, virarmos tão amigos, com certeza uma das pessoas mais queridas e que me tira mais risadas.

Agradeço à Maria Eduarda da Silva Arantes, a minha melhor amiga, Duda. Começamos a nos falar dias antes do começo das aulas do primeiro período, ali eu ainda não sabia que conheceria a minha irmã gêmea, a amizade mais verdadeira e sincera que um dia eu já sonhei em ter, todos nossos momentos de risadas e conversas profundas vão estar para sempre no meu coração, Duda fez a faculdade e a vida muito mais leve para mim com sua presença.

Agradeço, especialmente, a minha mãe, a pessoa que eu mais amo no mundo, a pessoa que mais acredita em mim, nunca me deixou desistir, mesmo em momentos tão difíceis. Tudo o que faço é porque ela me deixa viver meus sonhos. Tudo o que faço é para dar orgulho e uma vida melhor para ela.

Agradeço, por fim, à todos que passaram pela minha vida durante esses quatro anos e meio de faculdade, de alguma forma, todos foram importantes para minha trajetória.

*Quando a noite cair sobre você,
nós encontraremos um caminho por entre a
escuridão.*

- One Direction (*Through the Dark*)

RESUMO

O Brasil detém cerca de 856 espécies de répteis descritas, mas o parasitismo por *Trypanosoma* spp. e sua real diversidade em Minas Gerais ainda são raros e pouco conhecidos, além de apresentarem acentuado polimorfismo morfológico. O presente estudo teve como objetivos traçar o panorama global de *Trypanosoma* sp. em répteis e investigar a ocorrência e caracterização morfológica desses parasitos na herpetofauna do Parque Nacional da Serra da Canastra (PNSC), Minas Gerais, Brasil. Para isso, realizou-se uma revisão sistemática da literatura nas bases PubMed, Scopus e Web of Science, além de busca ativa e coleta sanguínea de seis espécies de répteis no PNSC. Os esfregaços sanguíneos foram fixados com metanol, corados com Giemsa e analisados sob microscopia óptica para avaliações morfométricas e análises estatísticas (ANOVA, PCA e Cluster/Dendrograma) no RStudio. A revisão bibliográfica recuperou 29 artigos válidos publicados durante 62 anos, evidenciando escassez histórica de publicações até os anos 2000, predomínio de infecções na ordem Squamata e a liderança do Brasil em volume de publicações geográficas. Nos dados de campo, identificou-se a presença de *Trypanosoma* sp. em um indivíduo de *Pseudoboa nigra*, com uma parasitemia considerada baixa e um alto polimorfismo. O teste ANOVA apontou que a maior parte dos caracteres lineares avaliados não variou significativamente para a determinação de morfotipos distintos, enquanto a PCA e o dendrograma discriminaram quatro clusters de ordenação morfométrica, comprovando matematicamente a coexistência de diferentes morfotipos em um único indivíduo hospedeiro e o acentuado polimorfismo intraespecífico ao longo do seu ciclo de vida. Este trabalho gerou novos dados e contribuições fundamentais para a comunidade acadêmica, evidenciando a transição metodológica até a taxonomia integrativa, destacando a necessidade de que estudos futuros adotem ferramentas avançadas de biologia molecular para determinação da posição evolutiva e taxonômica do gênero *Trypanosoma* em répteis.

Palavras-chave: Hemoparasitos; Polimorfismo; Squamata.

ABSTRACT

Brazil holds around 856 described reptile species, but *Trypanosoma* spp. parasitism and its actual diversity in Minas Gerais remain rare and poorly understood, in addition to exhibiting pronounced morphological polymorphism. The present study aimed to outline the global overview of *Trypanosoma* sp. in reptiles and to investigate the occurrence and morphological characterization of these parasites in the herpetofauna of the Serra da Canastra National Park (PNSC), Minas Gerais, Brazil. To achieve this, a systematic literature review was conducted in the PubMed, Scopus, and Web of Science databases, along with active searching and blood sampling of six reptile species in the PNSC. Blood smears were fixed with methanol, stained with Giemsa, and analyzed under optical microscopy for morphometric assessments and statistical analyses (ANOVA, PCA, and Cluster/Dendrogram) in RStudio. The literature review retrieved 29 valid articles published over a 62-year period, highlighting a historical scarcity of publications until the 2000s, a predominance of infections in the order Squamata, and Brazil's leadership in the volume of geographical publications. In the field data, the presence of *Trypanosoma* sp. was identified in an individual of *Pseudoboa nigra*, presenting a parasitemia considered low and a high polymorphism. The ANOVA test indicated that most of the linear characters evaluated did not vary significantly to determine distinct morphotypes, whereas the PCA and dendrogram discriminated four morphometric sorting clusters, mathematically proving the coexistence of different morphotypes in a single host individual and the pronounced intraspecific polymorphism throughout its life cycle. This work generated new data and fundamental contributions to the academic community, highlighting the methodological transition toward integrative taxonomy, and emphasizing the need for future studies to adopt advanced molecular biology tools to determine the evolutionary and taxonomic position of the genus *Trypanosoma* in reptiles.

Keywords: Hemoparasites; Polymorphism; Squamata.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Pontos de coleta dos répteis parasitados do Parque Nacional da Serra da Canastra, em Minas Gerais.	16
Figura 2 - Linha do tempo das publicações científicas globais sobre a ocorrência de <i>Trypanosoma</i> sp. em répteis não aviários entre 1964 e 2026.	17
Figura 3 - Representatividade taxonômica das ordens de répteis hospedeiros de <i>Trypanosoma</i> sp. registradas na literatura científica global.	18
Figura 4 - Representatividade taxonômica das famílias de répteis hospedeiras de <i>Trypanosoma</i> sp. registradas na literatura científica global.	18
Figura 5 - Perfil das metodologias de diagnóstico empregadas nos estudos científicos sobre <i>Trypanosoma</i> sp. em répteis recuperados na literatura global.	19
Figura 6 - Distribuição geográfica global das publicações científicas sobre a ocorrência de <i>Trypanosoma</i> sp. em répteis evidenciando os registros por país.	20
Figura 7 - Análise de cluster (Dendrograma) relacionando os morfotipos de <i>Trypanosoma</i> sp. com base em medidas morfométricas.	23
Figura 8 - Análise de Componentes Principais (PCA) demonstrando a influência de caracteres morfométricos no agrupamento dos morfotipos de <i>Trypanosoma</i> sp.	23
Figura 9 - Fotomicrografias de células sanguíneas de <i>Pseudoboa nigr</i> a parasitadas por <i>Trypanosoma</i> sp., capturadas com aumento de 1000x.	24

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Resultados do teste de Análise de Variância (ANOVA) para comparação de medidas morfométricas de indivíduos de *Trypanosoma* sp. encontrados em um único indivíduo de *Pseudoboa nigra*. 22
- Tabela 2 - Valores morfométricos de *Trypanosoma* sp. encontrados parasitando espécime de *Pseudoboa nigra* na Serra da Canastra. 25
- Tabela 3 - Valores de índices de *Trypanosoma* sp. encontrados parasitando espécime de *Pseudoboa nigra* na Serra da Canastra. 26

SUMÁRIO

SUMÁRIO	10
1. INTRODUÇÃO	12
2. METODOLOGIA	13
2.1. Revisão bibliográfica	13
2.2. Coleta de amostras sanguíneas e análise morfológica de Trypanosoma sp. em répteis.	14
3. RESULTADOS	16
3.1. Revisão bibliográfica	16
3.2. Análise morfológica de Trypanosoma sp.	20
4. DISCUSSÃO	27
4.1. Revisão Bibliográfica.....	27
4.2. Caracterização Morfológica.....	29
5 CONCLUSÕES	30
GLOSSÁRIO	32
REFERÊNCIAS	33

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é considerado o país com maior biodiversidade do planeta Terra, com sua fauna amplamente distribuída por todos os biomas presentes no território nacional (CDB, 2024). Dentre os grupos que compõem a fauna brasileira, a herpetofauna, grupo que engloba os anfíbios e répteis, é um dos que mais se destacam. Atualmente, o Brasil detém cerca de 856 espécies de répteis descritas no território nacional, das mais de 12 mil espécies conhecidas, de acordo com o The Reptile Database (2026). Desse total, 39 pertencem à ordem Testudines (quelônios), 6 à ordem Crocodylia (crocodilianos) e 811 à linhagem dos Squamata (escamados), grupo que abrange as anfisbenas, os lagartos e as serpentes registradas no país (Guedes *et al.*, 2023). Essa grande diversidade de espécies traz consigo uma ampla possibilidade de interações ecológicas, dentre elas o parasitismo, interação ainda pouco conhecida para os répteis (Hayakawa *et al.*, 2008; Hortal *et al.*, 2015).

O parasitismo é uma interação entre espécies distintas, na qual o parasito vive às custas do hospedeiro, estabelecendo uma dependência metabólica e causando-lhe algum tipo de dano (Poulin, 2011). Essa dependência é tão estreita que a coevolução pode ser associada à história evolutiva de ambos, comparando-se os aspectos filogenéticos e biogeográficos (Fermino *et al.*, 2013). Em répteis, há diferentes espécies de parasitos descritas, desde protozoários até metazoários, de modo que os protozoários sanguíneos podem causar apatia, fraqueza, dermatite, anemia, entre outros sinais clínicos (Telford, 2009).

Dentre os parasitos protozoários sanguíneos que têm como hospedeiros os répteis, destacam-se os tripanosomatídeos como *Trypanosoma* spp. e *Leishmania* spp. (Euglenozoa, Trypanosomatida) (Perles *et al.*, 2025). Embora existam registros de *Trypanosoma* spp. em serpentes, a amostragem na literatura ainda é escassa, e não se sabem os impactos sobre a conservação e dinâmica populacional desses animais (Fonseca *et al.*, 2024). Contudo, em infecções experimentais, os hospedeiros que possuem alta carga parasitária apresentam anemia e anorexia (Viola *et al.*, 2008), indicando que essa associação pode causar danos às populações de répteis afetadas, impactando na conservação delas. Além disso, ainda existem lacunas em relação ao ciclo desses parasitos, testando-se o modo de transmissão e o vetor hematófago como os principais fatores ainda não definidos (Viola *et al.*, 2008).

As espécies de tripanosomatídeos descritas em répteis possuem um acentuado polimorfismo, apresentando grandes diferenças morfológicas no sangue de seus hospedeiros, normalmente com um corpo largo, o que dificulta a identificação por morfologia e torna necessária a associação com técnicas moleculares (Fonseca *et al.*, 2024; Jordaan *et al.*, 2023; Telford, 2009). Também há um impasse no diagnóstico dessas espécies de *Trypanosoma* em decorrência da baixa parasitemia e da falta de sinais clínicos visíveis nas espécies hospedeiras, de forma que a taxonomia do grupo ainda não é clara e necessita de mais estudos (Jordaan *et al.*, 2023).

Ainda que demonstrada a ampla variedade de protozoários hemoparasitos de répteis, trabalhos robustos e aprofundados sobre a sua real diversidade no estado de Minas Gerais ainda são escassos. Sendo assim, o presente estudo teve como objetivo revisar o panorama global do conhecimento científico sobre tripanosomatídeos nesses hospedeiros e investigar a ocorrência desses parasitos na herpetofauna mineira. Para isso, buscou-se mapear a literatura por meio de uma revisão sistemática dos artigos que realizam registros de *Trypanosoma* spp. em répteis globalmente, além de averiguar a presença desses protozoários e caracterizá-los morfolologicamente em indivíduos encontrados na Serra da Canastra, Minas Gerais, Brasil.

2. METODOLOGIA

2.1. Revisão bibliográfica

A fim de mapear as lacunas nos estudos de ocorrência de *Trypanosoma* spp. em répteis, foi realizada uma revisão sistemática da literatura entre março e junho de 2026, para o levantamento de pesquisas que registraram linhagens do gênero *Trypanosoma* em répteis. Para isso, analisamos as publicações disponíveis nos bancos de dados PubMed, Scopus e Web of Science recuperadas utilizando algoritmos booleanos específicos para cada banco de dados. Durante as buscas foram utilizados os algoritmos booleanos "trypanosoma"[Title/Abstract] AND ("reptil"[Title/Abstract] OR "squamata" [Title/Abstract]) para o banco de dados PubMed, "trypanosoma" AND ("reptil*" OR "squamata") para o banco de dados Scopus e ((AB="trypanosoma") OR (TI="trypanosoma") OR (AK="trypanosoma")) AND ((AB=("reptil*" OR "squamata")) OR (AK=("reptil*" OR "squamata")) OR (TI=("reptil*" OR "squamata"))) para o banco de dados Web of Science.

Posteriormente, os resultados foram submetidos a uma etapa de triagem e filtragem, adotando-se como critérios de exclusão: artigos duplicados entre as bases de dados, revisões de literatura (meta-análises secundárias) e trabalhos que não apresentavam o registro direto e empírico de répteis infectados por protozoários hemoparasitos do gênero *Trypanosoma*.

Foram extraídas de cada artigo informações sobre o ano de publicação, a identificação do parasito e do hospedeiro, o local onde a pesquisa foi realizada e o método de diagnóstico utilizado. A partir desses dados, foram construídos gráficos utilizando o *software* Google Sheets para melhor visualização dos resultados.

2.2. Coleta de amostras sanguíneas e análise morfológica de *Trypanosoma* sp. em répteis.

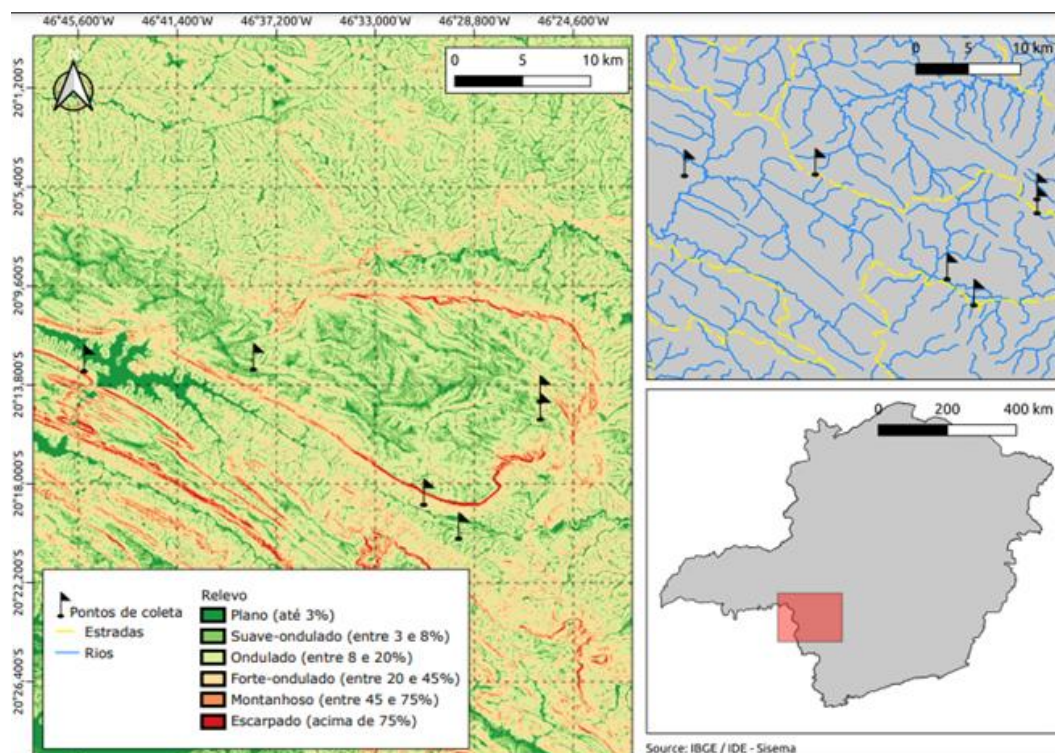
Com o objetivo de inventariar quais espécies de parasitos ocorrem no estado, a coleta dos répteis foi realizada entre os dias 05 e 11 de novembro de 2023 no Parque Nacional da Serra da Canastra (PNSC), localizado no município de São Roque de Minas, Minas Gerais, no sudeste do Brasil. O PNSC é uma área de proteção integral com quase 200.000 hectares inserida no bioma Cerrado (Figura 1).

Para a captura dos animais, foi utilizado o método de busca ativa, realizado manualmente ou com o auxílio de ganchos, de acordo com a metodologia autorizada pelo órgão ambiental responsável (SISBIO 81643-1). De todos os indivíduos capturados, foram coletadas alíquotas de sangue por meio de punção caudal, utilizando-se seringas estéreis e descartáveis. Para cada espécime, realizaram-se esfregaços sanguíneos em triplicata, os quais foram fixados com metanol, secos ao ar e posteriormente encaminhados ao laboratório para coloração e análise (Valkiūnas et al., 2008). Após todos os procedimentos, os animais foram eutanasiados de acordo com as normas previstas pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA/UFMS: nº 1.214/2022) e depositados na Coleção de Répteis da Universidade Federal de Juiz de Fora (CHUFJF).

Em laboratório, os esfregaços sanguíneos foram corados com Giemsa (Merck) na proporção 9:1 por 45 minutos e, em seguida, analisados sob microscopia óptica com aumento de 1000x, utilizando-se o microscópio Olympus BX 43. Os espécimes de *Trypanosoma* sp. encontrados foram fotografados utilizando-se a câmera Olympus DP73 acoplada ao microscópio e o *software* CellSense v. 1.16.

A parasitemia foi calculada a partir das lâminas positivas, mediante a análise aleatória de 100 campos microscópicos. A morfometria de 27 células de *Trypanosoma* sp. foi executada de acordo com Borges et al. (2019) e Viola et al. (2009), obtendo-se dados sobre o comprimento (BL), largura do corpo (BW), comprimento do núcleo (NL), largura do núcleo (NW), comprimento do cinetoplasto (KL), largura do cinetoplasto (KW), tamanho da membrana ondulante (UMW), número de ondulações da membrana ondulante (NU), distância média entre a posição anterior (MA) e posterior (MP) com relação ao núcleo, distância média entre a posição anterior (KA) e posterior (KP) do cinetoplasto, distância média do cinetoplasto até o núcleo (KN), índice nuclear (NL/NW), índice de forma corporal (BI) e a razão entre a largura e o comprimento do corpo (BSI). Todas as medidas (Tabela 2 e Tabela 3) foram obtidas por meio do *software* Image Pro-Plus (Version 6.0 for Windows™). Em seguida, as mesmas foram submetidas à análise de estatística descritiva, obtendo valores para a média, desvio padrão (DP), medidas corporais máximas e mínimas dos indivíduos. As medidas descritivas foram utilizadas para a divisão das formas em morfotipos baseados em critérios taxonômicos de parasitos do gênero *Trypanosoma*, e então utilizados para a avaliação da similaridade morfométrica entre esses morfotipos utilizando o teste estatístico ANOVA seguido pela Análise de Componentes principais (PCA) e dendrograma, utilizando como método de clusterização amplamente utilizado modelo D2, cujo engloba grandes grupos e outliers no programa RStudio (v. 4.4.1), utilizando os pacotes utilizando os pacotes FactoMineR, factoextra, dplyr e dendextend, além das funções do pacote *stats* do R.

Figura 1 - Pontos de coleta dos répteis parasitados do Parque Nacional da Serra da Canastra, em Minas Gerais. A área em vermelho destaca a localização da unidade de conservação no estado de Minas Gerais, enquanto o mapa principal detalha os locais específicos de captura dos animais.



Fonte: Elaborada pela autora.

3. RESULTADOS

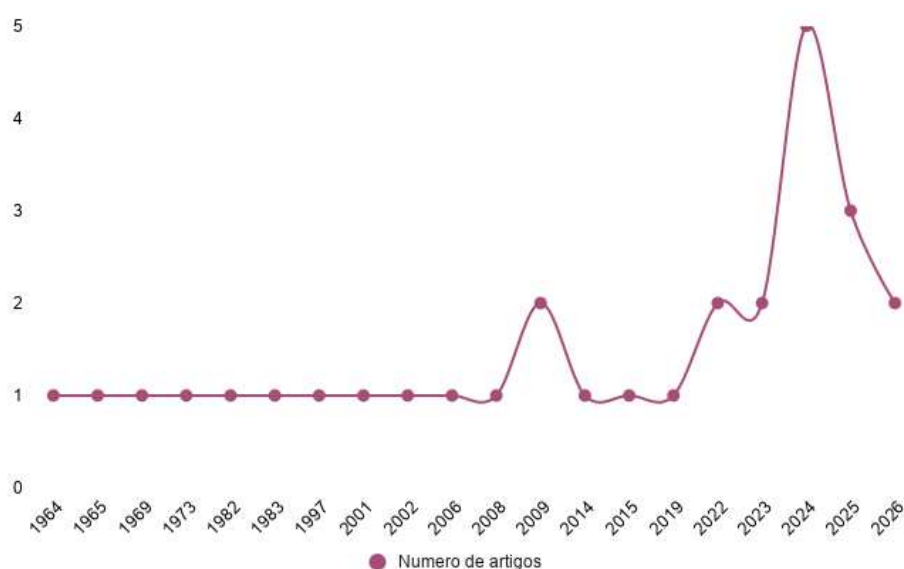
3.1. Revisão bibliográfica

A busca inicial retornou um total de 257 publicações, sendo 57 artigos na base PubMed, 107 na Scopus e 93 na Web of Science. Dentre esses estudos, 159 estavam duplicados por terem sido recuperados em mais de uma base de dados, resultando em 98 artigos únicos. Após a etapa de triagem dessas 98 publicações, restaram apenas 29 artigos que atendiam integralmente aos critérios de inclusão estabelecidos.

A revisão bibliográfica recuperou, ao todo, 29 artigos que abordam o tema ao longo de um período de 62 anos, compreendido entre 1964 e 2026 (Figura 2). Esse levantamento apontou apenas três trabalhos na década de 1960 (1964, 1965 e 1969), um na de 1970 (1973), dois na de 1980 (1982 e 1983) e um na de 1990 (1997). A partir dos anos 2000, registrou-se um maior volume de dados publicados, com seis produções científicas concentradas nessa década; o ano de 2009, isoladamente,

contou com dois artigos, superando a soma das três décadas anteriores. Na década de 2010, contabilizaram-se três artigos (2014, 2015 e 2019), seguidos por um aumento expressivo nos anos 2020, que apenas no intervalo entre 2022 e 2026 concentrou 14 publicações, destacando-se o ano de 2024 com cinco artigos.

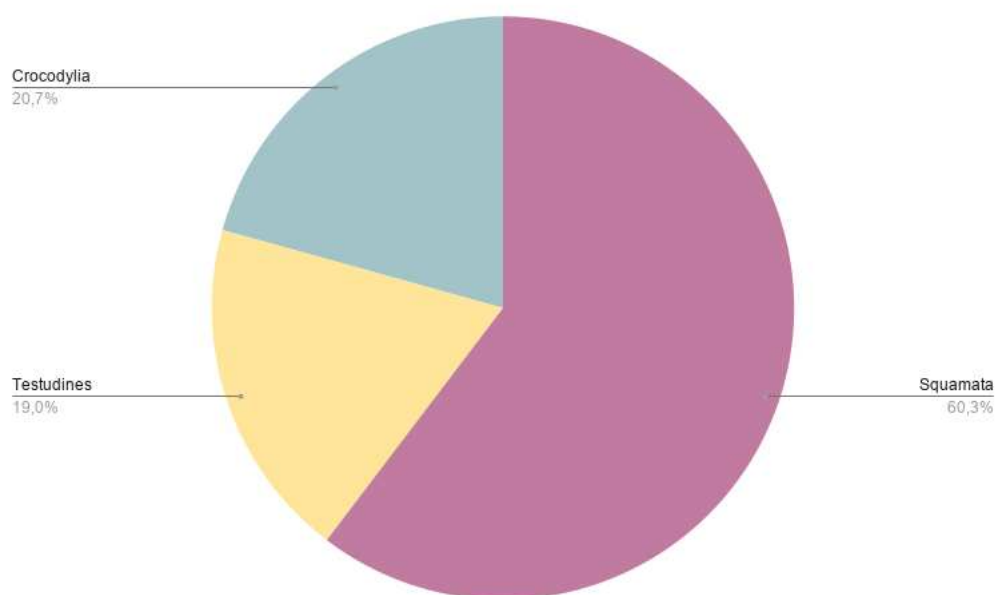
Figura 2 - Linha do tempo das publicações científicas globais sobre a ocorrência de *Trypanosoma* sp. em répteis entre 1964 e 2026.



Fonte: Elaborada pela autora.

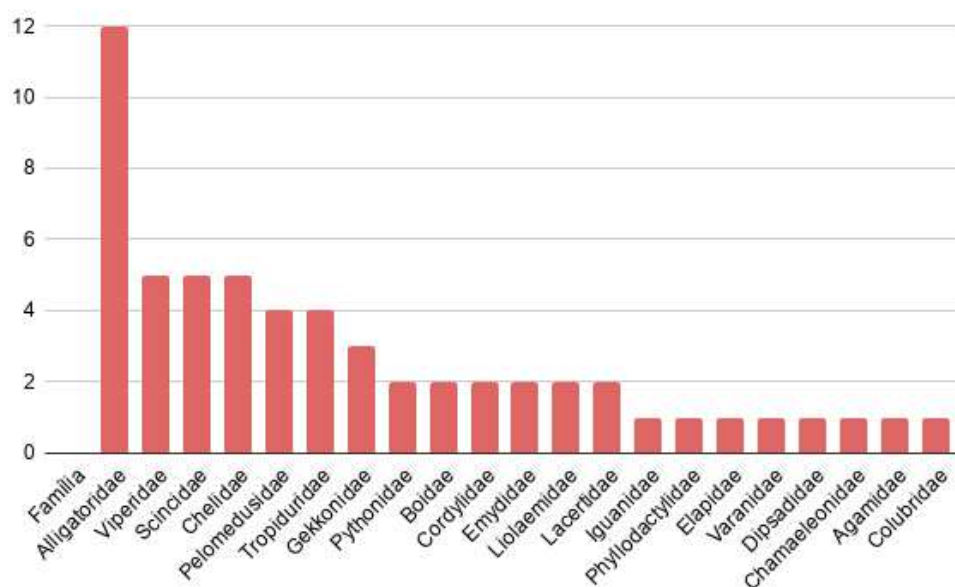
O levantamento bibliográfico contabilizou 58 registros distribuídos em 21 famílias zoológicas de répteis, evidenciando o predomínio da ordem Squamata (Figura 3), com táxons distribuídos por 16 famílias distintas (Figura 4). Em seguida, a ordem Crocodylia somou 12 registros, todos pertencentes à família Alligatoridae (jacarés) (Figura 4). Por fim, a ordem Testudines obteve 11 registros, distribuídos entre as famílias Chelidae (cinco citações), Pelomedusidae (quatro citações) e Emydidae (dois registros).

Figura 3 - Representatividade taxonômica das ordens de répteis hospedeiros de *Trypanosoma* sp. registradas na literatura científica global.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 4 - Representatividade taxonômica das famílias de répteis hospedeiras de *Trypanosoma* sp. registradas na literatura científica global.

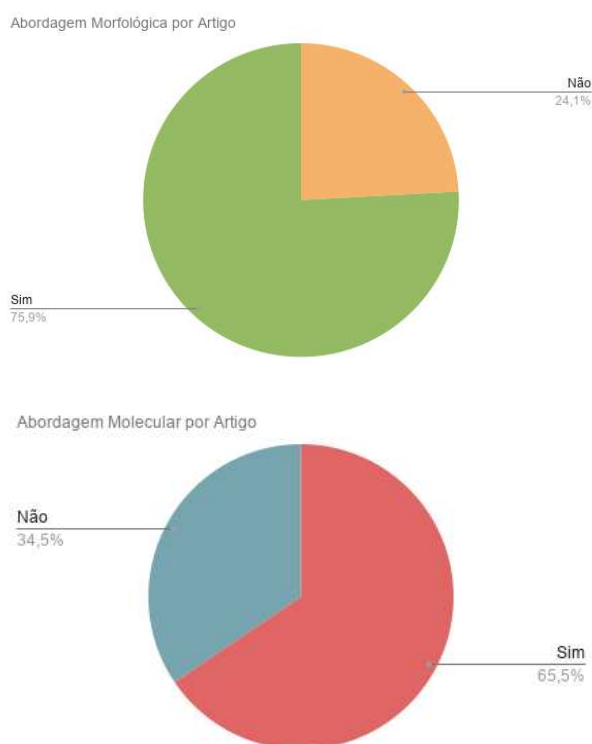


Fonte: Elaborada pela autora.

A morfologia convencional demonstrou ser a ferramenta diagnóstica mais empregada historicamente para a identificação de *Trypanosoma* sp. em répteis,

estando presente em 22 dos 29 artigos analisados (Figura 5). As análises moleculares foram documentadas em 19 trabalhos da amostragem, sendo que ambas as metodologias têm sido aplicadas de forma conjunta nas publicações mais recentes.

Figura 5 - Perfil das metodologias de diagnóstico empregadas nos estudos científicos sobre *Trypanosoma* sp. em répteis recuperados na literatura global.



Fonte: Elaborada pela autora.

O mapeamento dos locais de amostragem mostrou o Brasil como o país com maior representatividade, com oito ocorrências. Em seguida dos países com maior amostragem individual, figuraram o Chile e a Austrália, ambos apresentando três registros. Posteriormente se tem países que registraram duas ocorrências cada, a África do Sul, o Canadá, a Costa Rica e a Tailândia. Os demais países identificados na revisão possuem uma única ocorrência, como exemplo Alemanha, Camarões, Congo, Etiópia e Japão (Figura 6).

A world map illustrating the global distribution of the genus *Euphorbia*. The map uses a color scale from light green (1) to dark green (8) to represent the number of species recorded in each region. Brazil is the darkest green (8), followed by Australia and parts of North America and Europe. Most of Africa, Asia, and South America are grey, indicating no species recorded.

3.2. Análise morfológica de *Trypanosoma* sp.

Os esfregaços sanguíneos dos seis animais capturados foram observados por microscopia óptica. A observação das lâminas revelou a presença de formas tripomastigotas de *Trypanosoma* sp. no espécime de *P. nigra* (Figura 9), sendo este o único indivíduo a apresentar resultado positivo para o parasito entre todos os répteis amostrados no presente estudo. A parasitemia em *P. nigra* foi considerada baixa, registrando duas formas parasitárias a cada 100 campos aleatórios analisados (média de 0,02 parasito/campo).

Foram encontradas variações que indicam o alto polimorfismo dentro do gênero *Trypanosoma*, baseadas nos resultados da ANOVA, da PCA e do dendrograma (Figura 2 e Figura 3). Com base na distância euclidiana considerada para o dendrograma, quatro grupos (*clusters*) foram observados (Figura 7). Os grupos 1 e 3 foram compostos por formas únicas (29 e 30, respectivamente), enquanto o grupo 2 foi integrado pelas formas 32, 19, 17, 18, 2 e 20. O grupo 4, por sua vez, reuniu o restante das formas analisadas (8, 31, 9, 4, 11, 22, 16, 1, 5, 6, 21, 10, 13).

Baseado na distância euclidiana considerada para o dendrograma, quatro grupos de *clusters* foram observados (Figura 7). Os *clusters* 1 e 3 foram compostos por formas únicas (29 e 30, respectivamente). Já o *cluster* 2 foi composto pelas formas 32, 19, 17, 18, 2 e 20. Enquanto isso, o *cluster* 4 foi composto pelo restante das formas analisadas (8, 31, 9, 4, 11, 22, 16, 1, 5, 6, 21, 10, 13).

A PCA (Figura 8) demonstra as medidas morfométricas que mais influenciaram na divisão desses agrupamentos: o grupo 1 foi influenciado positivamente pelo tamanho do cinetoplasto (KL), estrutura que abriga o DNA mitocondrial do parasito e, negativamente, pelo comprimento corporal (BL); o grupo 2 recebeu maior influência do conjunto de medidas que envolvem o comprimento e a largura do núcleo, o comprimento e a largura da membrana ondulante, o número de ondulações dessa membrana, a largura do cinetoplasto e a distância entre o cinetoplasto e o núcleo (NL, UMW, KN, NW, NU e KW); o grupo 3 foi impactado especificamente pela distância entre a porção anterior do corpo e o cinetoplasto (KA); e o grupo 4 foi associado à largura do corpo, ao comprimento total do corpo, à distância entre a porção máxima do corpo e o núcleo (distância anterior) e à distância entre o cinetoplasto e a porção posterior (BW, MA, KP e BL).

O teste ANOVA demonstrou que as medidas de comprimento do núcleo (NL), tamanho da membrana ondulante (UMW), comprimento do cinetoplasto (KL), largura do cinetoplasto (KW), distância do meio do cinetoplasto até o meio do núcleo (KN), distância média entre a extremidade anterior e o cinetoplasto (KA) e distância média entre a extremidade posterior e o cinetoplasto (KP) não apresentam variações significativas entre os morfotipos propostos. As únicas medidas que apresentaram variações significativas foram o comprimento corporal (BL), a largura do corpo (BW), a largura do núcleo (NW), o número de ondulações (NU) e a distância média entre a posição anterior e o núcleo (MA) (Tabela 1).

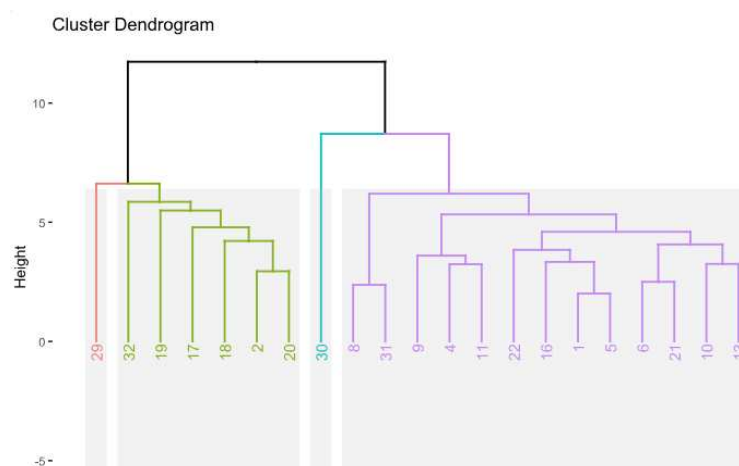
Tabela 1 - Resultados do teste de Análise de Variância (ANOVA) para comparação de medidas morfométricas de indivíduos de *Trypanosoma* sp. encontrados em um único indivíduo de *P. nigra*.

Variáveis	Df	F-Value	Pr(>F)
BL	3	8.614	0.00107*
BW	3	16.65	2.63e-05*
NL	3	2.768	0.0735
NW	3	21.05	5.83e-06*
UMW	3	0.425	0.738
NU	3	3.798	0.0298*
KL	3	1.401	0.277
KW	3	2.559	0.0892
KN	3	2.467	0.0973
MA	3	5.908	0.00594*
KA	3	1.098	0.377
KP	3	16.44	2.85e-05*

* Com diferença significativa

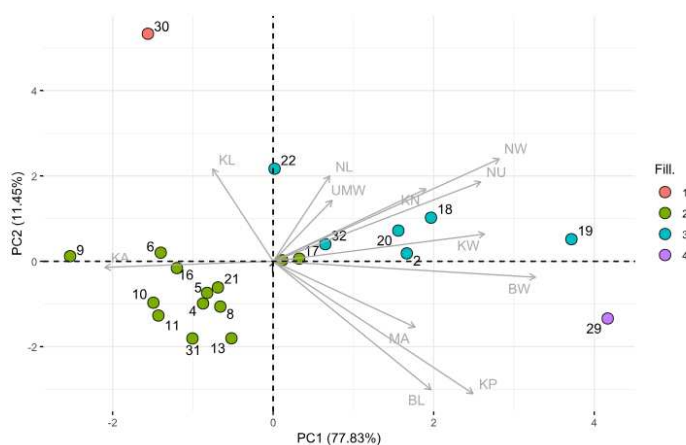
Fonte: Elaborada pela autora

Figura 7 - Análise de *cluster* (Dendrograma) relacionando os grupos polimórficos de indivíduos de *Trypanosoma* sp. encontrados em *P. nigra* com base em medidas morfométricas.



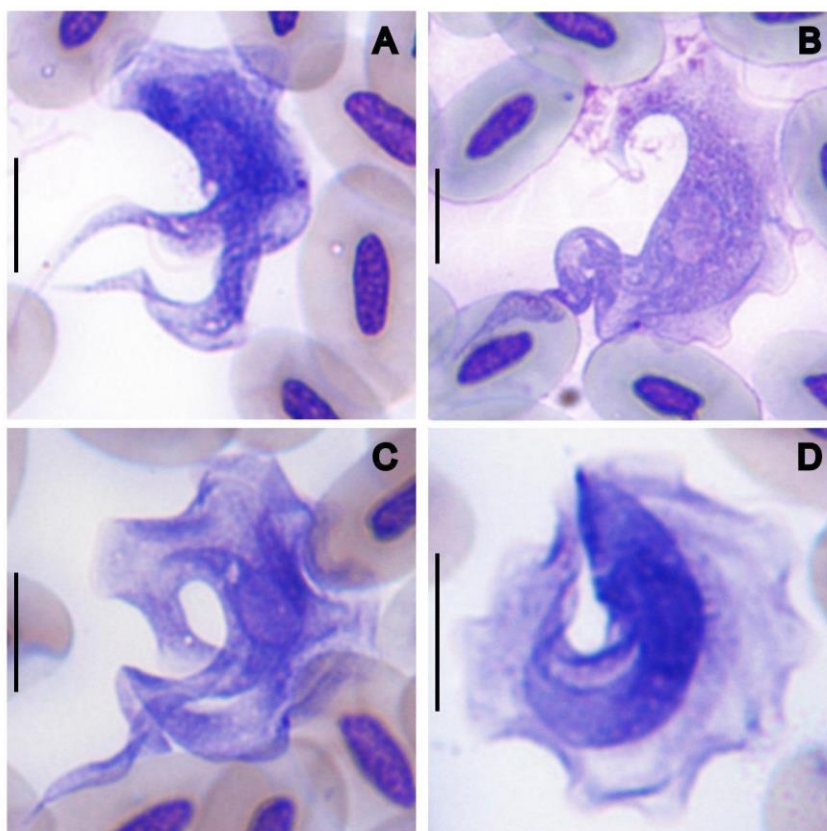
Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 8 - Análise de Componentes Principais (PCA) demonstrando a influência de caracteres morfométricos no agrupamento dos grupos pleomórficos de indivíduos de *Trypanosoma* sp. encontrados em *P. nigra*.



Fonte: Elaborada pela autora.

Figura 9 - Fotomicrografias de células sanguíneas de *P. nigra* parasitadas por *Trypanosoma* sp., capturadas com aumento de 1000x. Barra = 10µm.



Fonte: Elaborada pela autora.

Tabela 2 - Valores morfométricos de indivíduos de *Trypanosoma* sp. encontrados parasitando espécime de *P. nigra* na Serra da Canastra.

Indiv.	Morfot.	BL	BW	NL	NW	UM W	NU	KL	KW	KN	MA	MP	KA	KP
2	1	86,74	11,62	5,83	4,7	81,24	10	0,95	0,62	10,25	36,86	35,08	42,94	36,22
18	1	92,37	12,09	7,48	5	73,95	8	0,9	0,98	12,14	32,72	30,7	47,7	24,12
29	1	91,66	11,67	6,9	4,93	61,91	9	1,08	1,09	9,04	51,83	36,88	31,08	59,77
30	2	40,97	6,29	8,16	5,3	84,16	9	1,23	0,82	10,22	28,83	13,28	39,91	0
4	3	86,52	9,91	5,72	1,92	62,29	5	0,95	0,82	10,55	27,24	34,87	46,6	32,68
5	3	80,46	8,68	5,59	2,79	76,58	6	0,96	0,72	7,81	33,44	34,38	38,78	32,06
6	3	68,27	8,6	4,43	2,97	75,21	9	1,03	0,61	6,64	34,96	27,97	43,67	23,78
10	3	77,04	8,32	2,91	2,49	73,85	5	0,99	0,81	8,87	34,74	32,31	40,91	23,62
11	3	79,02	7,17	5,96	3,78	57,03	5	0,85	0,52	8,86	34,97	40,37	43,51	38,13
13	3	79,21	10	3,58	2,83	50,59	7	0,73	0,7	7,92	28,73	38,69	36,01	34,61
16	3	67,94	8,9	5,12	2,99	75,92	6	0,98	0,97	5	28,27	31,43	37,09	27,8
17	3	92	9,12	5,04	3,71	103,97	8	1,28	0,78	8,57	36,52	41,3	46,99	36,7
19	3	82,71	11,6	5,02	6,64	106,33	9	0,61	1,13	10,07	32,46	37,86	31	39,41
20	3	74,15	10,62	4,65	6,75	68,96	10	0,87	0,78	9	28,16	43,01	41,3	39,34
21	3	81,71	6,79	5,01	2,63	74,71	9	0,93	0,7	8,55	31,73	40,28	43,64	38,23
22	3	62,94	10,73	6,72	5,25	86,81	7	1,09	0,75	9,2	28,98	31,82	38,77	23,13
32	3	74,77	12,85	4,94	6,17	48,85	7	0,96	1,11	6,98	21,57	30,77	49,28	30,59
1	4	81,66	7,31	6,09	3,91	81,88	7	1,01	0,79	8,2	39,07	25,85	31,73	29,77
8	4	80,28	8,01	6,32	3,53	84,27	6	0,66	0,91	5,58	37,61	32,18	45,68	28,78
9	4	79,55	6,69	5,47	3,79	70,4	6	1,06	0,7	7,56	24,99	25,26	57,19	26,69
31	4	76,66	9,67	6,86	2,32	83,12	6	0,69	0,63	5,48	40	42,3	48,53	38,78

Fonte: Elaborada pela autora.

Legenda das siglas - BL: comprimento total do corpo (*body length*); BW: largura máxima do corpo (*body width*); NL: comprimento do núcleo; NW: largura do núcleo; UMW: largura da membrana ondulante (*upper membrane width*); NU: número de ondulações da membrana ondulante; KL: comprimento do cinetoplasto; KW: largura do cinetoplasto; KN: distância entre o centro do cinetoplasto e o centro do núcleo; MA: distância entre a extremidade anterior do corpo e o núcleo; MP: distância entre a extremidade posterior do corpo e o núcleo; KA: distância entre a extremidade anterior do corpo e o cinetoplasto; KP: distância entre a extremidade posterior do corpo e o cinetoplasto.

Tabela 3 - Valores de índices de forma de indivíduos *Trypanosoma* sp. encontrados parasitando espécime de *P. nigra* na Serra da Canastra.

Indiv.	Morfot.	NI	BI	BSI
2	1	1,240425532	7,464716007	0,1339635693
18	1	1,496	7,640198511	0,1308866515
29	1	1,39959432	7,854327335	0,1273183504
30	2	1,539622642	6,513513514	0,153526971
4	3	2,979166667	8,730575177	0,1145399908
5	3	2,003584229	9,269585253	0,1078796918
6	3	1,491582492	7,938372093	0,1259704116
10	3	1,168674699	9,259615385	0,1079958463
11	3	1,576719577	11,0209205	0,0907365224
13	3	1,265017668	7,921	0,126246686
16	3	1,712374582	7,633707865	0,1309979394
17	3	1,358490566	10,0877193	0,09913043478
19	3	0,7560240964	7,130172414	0,140249063
20	3	0,6888888889	6,982109228	0,1432231962
21	3	1,904942966	12,03387334	0,08309876392
22	3	1,28	5,865796831	0,1704798221
32	3	0,8006482982	5,818677043	0,1718603718
1	4	1,557544757	11,17099863	0,08951751163
8	4	1,790368272	10,02247191	0,09977578475
9	4	1,443271768	11,89088191	0,08409805154
31	4	2,956896552	7,927611169	0,1261414036

Fonte: Elaborada pela autora.

Legenda das siglas - NI: índice nuclear (NI = NL/NW); BI: índice de forma corporal (BI = BL/BW); BSI: índice de proporção corporal (BSI = BW/BL).

4. DISCUSSÃO

O presente estudo traz novas informações sobre as lacunas acerca dos tripanosomatídeos que ocorrem em répteis no cenário mundial, estabelecendo uma revisão sistemática focada especificamente no gênero *Trypanosoma* nesses hospedeiros, com um panorama temporal, taxonômico, metodológico e geográfico da literatura. Além disso, a investigação em campo fornece o primeiro registro de *Trypanosoma* sp. na serpente *P. nigra* para o Parque Nacional da Serra da Canastra, uma área de extrema importância para a ecologia e a conservação da natureza.

4.1. Revisão Bibliográfica

O processo de revisão retornou 257 publicações (57 artigos encontrados na base de dados PubMed, 107 na Scopus e 93 na Web of Science), demonstrando a eficácia dos termos de busca selecionados. Porém, após a filtragem de acordo com os critérios de inclusão e exclusão da revisão sistemática, restaram apenas 29 artigos que abordavam o gênero *Trypanosoma* em espécies de répteis; este número expressivamente reduzido evidencia a escassez de dados nesta área do conhecimento.

Os artigos selecionados foram publicados ao longo de 62 anos, revelando janelas extensas sem novas inserções na literatura. Entre as décadas de 1960 e 1990, a atividade editorial foi extremamente baixa, registrando-se somente três trabalhos na década de 1960, um na de 1970, dois na de 1980 e um na de 1990. Esse cenário mudou a partir dos anos 2000, período no qual foram registradas seis produções, com um aumento ainda mais expressivo na década de 2020, que acumulou 14 artigos e teve seu ápice em 2024, com cinco publicações. Essa escassez entre 1960 e 1990 pode refletir um viés metodológico, visto que a maioria dos estudos desse período dependia de acervos físicos. Em contrapartida, a expansão a partir dos anos 2000, pode estar ocorrendo devido à facilidade de acesso a microscópios de alta resolução com captura de imagem e à popularização de reagentes comerciais de biologia molecular (Fermينو *et al.*, 2015; Jordaan *et al.*, 2023; Viola *et al.*, 2009).

Dentre os hospedeiros analisados, a ordem Squamata despontou como o grupo mais registrado, concentrando 35 dos 58 registros totais da revisão e exibindo a maior diversidade de famílias parasitadas, com destaque para Viperidae e Scincidae, com cinco registros cada. Essa maior representatividade pode ocorrer pelo

fato de lagartos e serpentes serem o grupo mais diverso entre os répteis e frequentemente coletados para diversos estudos. A ordem Crocodylia, embora apresente apenas 12 registros no total, tem todos eles concentrados em uma única família, Alligatoridae. Isso a torna a família com maior número de registros isolados em toda a revisão, o que pode decorrer de uma relação parasito-hospedeiro muito bem estabelecida com o gênero *Trypanosoma*, possivelmente mediada por vetores hematófagos associados a ambientes aquáticos, como sanguessugas ou dípteros (Fermino *et al.*, 2013; Fonseca *et al.*, 2024; Viola *et al.*, 2008). Por fim, a ordem Testudines obteve 11 registros, focados em Chelidae (cinco citações) e Pelomedusidae; essa prevalência pode estar associada aos hábitos predominantemente aquáticos dessas duas famílias, o que favorece o contato constante com vetores nesses ecossistemas, facilitando a transmissão e o consequente registro de *Trypanosoma* sp. nesses hospedeiros (Jordaan *et al.*, 2024).

A metodologia dos artigos variou de acordo com o ano de publicação. Os trabalhos mais antigos limitavam-se a relatar a presença ou ausência do protozoário por microscopia óptica e a registrar medidas morfométricas dos parasitos. Contudo, com a introdução das ferramentas moleculares, as pesquisas recentes passaram a aprofundar-se na caracterização genética e no entendimento da parasitemia, indo além da caracterização morfológica isolada ao adotar a taxonomia integrativa, a qual conjuga técnicas de microscopia e sequenciamento de DNA. A consolidação dessa abordagem integrada permite não apenas descrever novas espécies com precisão, mas também estimar o impacto da carga parasitária na saúde dos répteis e compreender as relações filogenéticas entre as linhagens de tripanosomatídeos que circulam na fauna silvestre (Borghesan *et al.*, 2013; Fermino *et al.*, 2015; Jordaan *et al.*, 2023; Viola *et al.*, 2009).

Geograficamente, a distribuição dos estudos desenha um mapa mundial nitidamente heterogêneo, liderado pelo Brasil com oito ocorrências, seguido por Chile e Austrália com três registros cada. Essa liderança do Brasil pode refletir a alta biodiversidade de répteis no país e o histórico de pesquisa herpetológica e parasitológica estruturada a partir de universidades públicas e institutos de pesquisa tradicionais; esse cenário decorre não de uma única equipe isolada, mas sim do esforço de diferentes grupos de pesquisa distribuídos pelo país. No restante do globo, os registros são dispersos, com países que apresentam duas ocorrências, como África do Sul, Canadá, Costa Rica e Tailândia, ou registros únicos, como Alemanha,

Camarões, Congo, Etiópia e Japão, evidenciando as grandes lacunas no conhecimento científico acerca do gênero *Trypanosoma* em répteis (Jordaan *et al.*, 2023).

4.2. Caracterização Morfológica

Foram encontrados parasitos do gênero *Trypanosoma* em *P. nigra* apresentando corpo largo e sinuoso, com membranas ondulantes muito evidentes. Na biologia dos tripanosomatídeos, essa estrutura está associada ao arranjo do flagelo, que emerge da porção posterior e permanece fortemente aderido ao longo da superfície celular. O batimento desse flagelo projeta a membrana plasmática, gerando o aspecto ondulado típico do gênero. No Brasil, a espécie *Trypanosoma cascavelli* foi registrada pela primeira vez em *P. nigra* por Viola *et al.* (2009), utilizando análises morfológicas e moleculares, as formas descritas pelos autores também evidenciaram alto pleomorfismo, o que dificulta a definição taxonômica exclusivamente por caracteres morfológicos e torna imperativo o uso de ferramentas moleculares. Desse modo, frequentemente são abordados métodos morfológicos e de biologia molecular de forma integrada, contribuindo para uma melhor acurácia na identificação e compreensão da diversidade biológica do grupo (Fonseca *et al.*, 2024).

A análise de componentes principais (PCA) em conjunto com o dendrograma possibilitou compreender essa complexidade, permitindo mapear e comprovar matematicamente o amplo polimorfismo dentro do grupo de parasitos avaliado.

Sabe-se, de forma geral, que apenas informações morfológicas não são suficientes para a identificação de parasitos do gênero *Trypanosoma*; no entanto, especificamente para parasitos de répteis Squamata, essa abordagem pode ser uma alternativa inicial (Telford *et al.*, 1995; Telford *et al.*, 2009). Uma análise de comparação morfológica dos nossos dados frente a relatos antigos da literatura foi inviabilizada justamente pela inconstância e escassez de parâmetros morfométricos padronizados nos estudos passados (Viola *et al.*, 2009; Sato *et al.*, 2009; Fonseca *et al.*, 2024). Os resultados obtidos pela ANOVA indicam que a maioria das variáveis morfométricas analisadas não apresentou diferença estatística significativa entre os grupos. As características que apontaram variações significativas não possuem poder discriminatório para sugerir a existência de espécies distintas em *P. nigra*, pois consistem em parâmetros com alta plasticidade. Portanto, os dados corroboram a

capacidade polimórfica do gênero *Trypanosoma*, indicando que o *Trypanosoma* sp. encontrado no Parque Nacional da Serra da Canastra é representado por uma espécie altamente polimórfica.

Diante dos resultados do presente estudo, evidencia-se a necessidade de que investigações futuras utilizem tanto métodos morfológicos quanto moleculares para analisar e determinar os parasitos circulantes (Maia *et al.*, 2014). Além disso, torna-se oportuno realizar análises filogenéticas por meio de clonagem e sequenciamento de nova geração (NGS), ferramentas capazes de identificar e caracterizar com maior precisão cada espécime, a fim de determinar a posição evolutiva da espécie, refinar a acurácia da identificação taxonômica e mapear sua distribuição geográfica ao longo do tempo (Lima *et al.*, 2024; Vences *et al.*, 2024).

5 CONCLUSÕES

Este trabalho permitiu observar o panorama global sobre o conhecimento científico acerca de *Trypanosoma* spp. em répteis, além de gerar novos dados e contribuições fundamentais para a comunidade acadêmica nesse campo de estudo.

A revisão sistemática evidenciou que a expansão nas pesquisas a partir dos anos 2000 consolidou a transição para metodologias avançadas de diagnóstico, estabelecendo a taxonomia integrativa e as análises moleculares como ferramentas indispensáveis para a validação e caracterização adequada de novas espécies. Ademais, o Brasil destacou-se em posição de liderança geográfica mundial no volume de publicações sobre o tema, resultado que pode ser associado à ampla diversidade de répteis no país e ao fomento à pesquisa em universidades públicas e institutos tradicionais.

A revisão também evidenciou Squamata como a ordem com maior número de registros de *Trypanosoma* sp. globalmente. Alinhado a esse panorama, o registro do parasito em *P. nigra* no Parque Nacional da Serra da Canastra amplia a distribuição geográfica conhecida desse tripanossomatídeo e de seus hospedeiros. Além disso, o estudo demonstrou o acentuado polimorfismo celular desses organismos, validado por ferramentas estatísticas (PCA e análise de agrupamento) associadas ao teste ANOVA, o que comprova matematicamente a coexistência de formas altamente polimórficas em um único hospedeiro.

Por fim, fica evidente a necessidade de que investigações futuras adotem ferramentas avançadas de biologia molecular para a confirmação adequada, o

estabelecimento de relações filogenéticas e a definição da posição evolutiva e taxonômica do gênero *Trypanosoma* em répteis.

GLOSSÁRIO

Polimorfismo - Capacidade de uma mesma espécie de parasito apresentar formas morfológicas distintas (morfotipos) ao longo do seu ciclo de vida ou simultaneamente no sangue do hospedeiro.

REFERÊNCIAS

- BORGES, Alyssa R. *et al.* In vitro cellular division of *Trypanosoma abeli* reveals two pathways for organelle replication. **Journal of Eukaryotic Microbiology**, v. 66, n. 3, p. 385-392, 2019. DOI: [10.1111/jeu.12678](https://doi.org/10.1111/jeu.12678)
- BORGHESAN, Tarcilla C. *et al.* Molecular phylogenetic redefinition of *Herpetomonas* (Kinetoplastea, Trypanosomatidae), a genus of insect parasites associated with flies. **Protist**, v. 164, n. 1, p. 129-152, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.protis.2012.06.001>
- CONVENÇÃO SOBRE DIVERSIDADE BIOLÓGICA (CDB). **Country Profile: Brazil**. Montreal: CBD Secretariat, 2024. Disponível em: <https://www.cbd.int/countries/profile/?country=br>. Acesso em: 6 jun. 2026.
- FERMINO, Bruno R. *et al.* Field and experimental evidence of a new caiman trypanosome species closely phylogenetically related to fish trypanosomes and transmitted by leeches. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 4, n. 3, p. 368-378, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2015.10.005>
- FERMINO, Bruno R. *et al.* The phylogeography of trypanosomes from South American alligatorids and African crocodilids is consistent with the geological history of South American river basins and the transoceanic dispersal of *Crocodylus* at the Miocene. **Parasites & vectors**, v. 6, n. 1, p. 313, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1186/1756-3305-6-313>.
- FONSECA, Maisa S. *et al.* *Trypanosoma* sp. infection in *Boa constrictor* snakes: morphological, hematological, clinical biochemistry, molecular, and phylogenetic characteristics. **Parasitology Research**, v. 123, n. 1, p. 21, 2024. DOI: [10.1007/s00436-023-08023-x](https://doi.org/10.1007/s00436-023-08023-x)
- GIBBONS, J. Whitfield *et al.* The Global Decline of Reptiles, Déjà Vu Amphibians: Reptile species are declining on a global scale. Six significant threats to reptile populations are habitat loss and degradation, introduced invasive species, environmental pollution, disease, unsustainable use, and global climate change. **BioScience**, v. 50, n. 8, p. 653-666, 2000. DOI: [10.1641/0006-3568\(2000\)050\[0653:TGDORD\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2000)050[0653:TGDORD]2.0.CO;2).
- GUÉDES, Thaís B.; ENTIAUSPE-NETO, Omar M.; COSTA, Henrique Caldeira. Lista de répteis do Brasil: atualização de 2022. **Herpetologia Brasileira**, v. 12, n. 1, p. 56-161, 2023. DOI: [10.5281/zenodo.7829013](https://doi.org/10.5281/zenodo.7829013)
- HAYAKAWA, Toshiyuki *et al.* Big bang in the evolution of extant malaria parasites. **Molecular biology and evolution**, v. 25, n. 10, p. 2233-2239, 2008. DOI: [10.1093/molbev/msn171](https://doi.org/10.1093/molbev/msn171)
- HORTAL, Joaquín *et al.* Seven shortfalls that beset large-scale knowledge of biodiversity. **Annual review of ecology, evolution, and systematics**, v. 46, n. 1, p. 523-549, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-112414-054400>

JORDAAN, Bernard J.; DU PREEZ, Louis H.; NETHERLANDS, Edward C. Revisiting the diversity and phylogenetic relationships of trypanosomes (*Trypanosoma*) infecting pelomedusid (*Pelomedusidae*) freshwater turtles in Southern Africa. **Zoological Journal of the Linnean Society**, v. 202, n. 1, p. zlae107, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1093/zoolinnea/zlae107>

JORDAAN, Bernard J.; VAN AS, Johann; NETHERLANDS, Edward C. Morphological and molecular diagnosis of two new species of *Trypanosoma* Gruby, 1843 infecting South African cordylid lizards (*Squamata*: *Cordylidae*: *Cordylinae*), *Trypanosoma* (*Squamatomyx*) *ndumoensis* n. sp. and *Trypanosoma* (*Trypanosoma*) *tokoloshi* n. sp. **Journal of Eukaryotic Microbiology**, v. 70, n. 4, p. e12970, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1111/jeu.12970>

LIMA, Mylena B. *et al.* First record of *Trypanosoma* (*Ornithomyxa*) infecting Neotropical birds. **Parasitology Research**, v. 123, n. 3, p. 156, 2024. DOI: [10.1007/s00436-024-08179-0](https://doi.org/10.1007/s00436-024-08179-0)

MAIA, Joao P. *et al.* A comparison of multiple methods for estimating parasitemia of hemogregarine hemoparasites (*Apicomplexa*: *Adeleorina*) and its application for studying infection in natural populations. **PloS one**, v. 9, n. 4, p. e95010, 2014. DOI: [10.1371/journal.pone.0095010](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095010)

PERLES, Livia *et al.* Epidemiological dynamics of *Leishmania* (*Sauroleishmania*) *tarentolae* and *Trypanosoma platydactyli* in reptile hosts and sand flies: from isolation to genome assembly. **Microbial Genomics**, v. 11, n. 12, p. 001567, 2025. DOI: <https://doi.org/10.1099/mgen.0.001567>

POULIN, Robert. **Evolutionary ecology of parasites**. Princeton university press, 2011.

SATO, Hiroshi *et al.* *Trypanosoma* cf. *varani* in an imported ball python (*Python reginus*) from Ghana. **Journal of Parasitology**, v. 95, n. 4, p. 1029-1033, 2009. DOI: [10.1645/GE-1816.1](https://doi.org/10.1645/GE-1816.1)

TELFORD JR, Sam R. The kinetoplastid hemoflagellates of reptiles. In: **Parasitic protozoa**. Academic Press, 1995. p. 161-223.

TELFORD, Sam Rountree *et al.* **Hemoparasites of the Reptilia: Color atlas and text**. CRC Press; Taylor & Francis, 2009.

VALKIŪNAS, Gediminas *et al.* A comparative analysis of microscopy and PCR-based detection methods for blood parasites. **The Journal of parasitology**, v. 94, n. 6, p. 1395-1401, 2008. DOI: [10.1645/GE-1570.1](https://doi.org/10.1645/GE-1570.1)

VENCES, Miguel; MIRALLES, Aurélien; DUFRESNES, Christophe. Next- generation species delimitation and taxonomy: implications for biogeography. **Journal of Biogeography**, v. 51, n. 9, p. 1709-1722, 2024. DOI: [10.1111/jbi.14807](https://doi.org/10.1111/jbi.14807)

VIOLA, Laerte B. *et al.* Phylogenetic analyses based on small subunit rRNA and glycosomal glyceraldehyde- 3- phosphate dehydrogenase genes and ultrastructural characterization of two snake trypanosomes: *Trypanosoma serpentis* n. sp. from *Pseudoboa nigr*a and *Trypanosoma cascavelli* from *Crotalus durissus terrificus*.

Journal of Eukaryotic Microbiology, v. 56, n. 6, p. 594-602, 2009. . DOI:

[10.1111/j.1550-7408.2009.00444.x](https://doi.org/10.1111/j.1550-7408.2009.00444.x).

VIOLA, Laerte B. *et al.* Phylogeny of snake trypanosomes inferred by SSU rDNA sequences, their possible transmission by phlebotomines, and taxonomic appraisal by molecular, cross-infection and morphological analysis. **Parasitology**, v. 135, n. 5, p. 595-605, 2008. DOI: 10.1017/S0031182008004253