RESUMO - HELMINTOLOGIA

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MOLECULAR DE ASPIDODERA RAILLIETI EM UM NOVO HOSPEDEIRO SILVESTRE (THRICHOMYS LAURENTIUS).

Bruno De Oliveira Telles Ferreira (botferreira@gmail.com)

Natalia Alves Costa (natila1@gmail.com)

Michele Maria Dos Santos (mms.ioc.fiocruz@gmail.com)

Paulo D´Andrea (dandrea@ioc.fiocruz.br)

Débora Sá Lemes (deboralemes.dl@gmail.com)

Karina Varella Arpon (karinavarella@gmail.com)

Camila Dos Santos Lucio (camilaluciobio@gmail.com)

Arnaldo Maldonado Junior (maldonad@ioc.fiocruz.br)

Raquel De Oliveira Simoes (raquel83vet@gmail.com)

O nematódeo Aspidodera raillieti é um parasito que ocorre no ceco e intestino grosso de marsupiais, havendo um registro em Nectomys squamipes, o que indica uma capacidade de infecção cruzada. O roedor Thrichomys laurentius atua como componente da teia trófica neotropical e compartilha seu nicho

ecológico com marsupiais, criando uma interface de contato propícia para a transmissão de parasitos entre diferentes ordens de mamíferos. Foi realizada triagem de espécimes identificados como A. raillieti em T. laurentius na Caatinga, estado do Ceará. Todos os procedimentos foram aprovados pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Fundação Oswaldo Cruz (L-018/2022) e autorizados pelo Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (N°13373-1). O objetivo do estudo foi caracterizar morfológica, morfométrica e filogenéticamente estes helmintos para investigar a ocorrência de plasticidade fenotípica e a divergência evolutiva associada ao novo hospedeiro. Os nematódeos foram clarificados em lactofenol e analisados sob microscopia óptica de luz para a obtenção de dados morfométricos e morfológicos. Para a caracterização molecular, o ácido desoxirribonucleico genômico foi extraído a partir de um espécime fêmea inteiro. Foi feita amplificação por PCR e sequenciamento da região parcial do gene COI, utilizando iniciadores específicos para nematódeos. Os âmplicons foram purificados, sequenciados e editados, gerando uma sequência consenso que foi alinhada junto a outras sequências da família Aspidoderidae disponíveis no Genbank. A inferência filogenética por máxima verossimilhança (ML) foi conduzida incorporando sequências de referência de A. raillieti oriundas de marsupiais. A análise morfológica confirmou a presença das estruturas da espécie, como a dilatação cuticular cefálica em coifa com cordões longitudinais anastomosados e, nos machos, a ventosa pré-cloacal circular com rebordo esclerotizado, presença de 42 papilas e espículos grandes e esclerotizados. Os espécimes apresentaram dimensões corporais superiores ao padrão documentado em didelfídeos, o que indica uma plasticidade fenotípica do novo hospedeiro. Na análise filogenética, a topologia da árvore revelou que a nova sequência se agrupou com os isolados de A. raillieti descritos para marsupiais, confirmando a identificação do táxon. Esse agrupamento reforça a hipótese de que a infecção neste roedor possa ser fruto de um evento de compartilhamento de hospedeiro. Entretanto, mais estudos devem ser feitos para corroborar esta hipótese. A abordagem da taxonomia integrativa foi importante na identificação desta espécie. Além disso, os resultados sugerem que o compartilhamento dos nichos pode atuar como facilitadora para eventos de compartilhamento de hospedeiro, um fator biológico capaz de promover a divergência genética em nematódeos silvestres.

Palavras-chave: taxonomia integrativa; roedores; plasticidade fenotípica; nematoda; caatinga.