RESUMO - HELMINTOLOGIA

DETECÇÃO DE FILARÍDEOS (ONCHOCERCIDAE) EM AVES ATENDIDAS NO HOSPITAL VETERINÁRIO DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO, CAMPUS CUIABÁ, BRASIL

Morgana Maira Hennig (hennigmorgana@gmail.com)

Ana Clécia Dos Santos Silva (anacssilva@charlotte.edu)

Iago De Sá Moraes (iago.samoraes@gmail.com)

Lara Martins Barros (laramartinsufmt@gmail.com)

Giulia Lemos De Pinho Zanardo (giulia_zanardo@hotmail.com)

Brenda Madruga Rosa (breenda.rosa@hotmail.com)

Thais Oliveira Morgado (thaismorgado@gmail.com)

Rosa Ferraz (rhsferraz@gmail.com)

Thállitha Wischral Jayme Vieira (t.vieira@charlotte.edu)

Rafael Felipe Da Costa Vieira (rvieira@charlotte.edu)

Richard De Campos Pacheco (richard.pacheco@ufmt.br)

Filarídeos aviários (Nematoda: Onchocerciidae) liberam microfilárias na corrente sanguínea de aves, que atuam como hospedeiros definitivos, enquanto insetos hematófagos (Arthropoda: Phthiraptera e Diptera) participam do ciclo como hospedeiros intermediários. Embora sejam reconhecidos pelo menos 16 gêneros, incluindo Chandlerella, Splendidofilaria, Eufilaria, Cardiofilaria, Pelecitus e Paronchocerca, totalizando aproximadamente 160 espécies descritas, sua ocorrência na avifauna neotropical ainda é pouco conhecida. Diante disso, o presente estudo investigou a ocorrência de microfilárias em aves de vida livre do estado de Mato Grosso, por meio de análise de extensões sanguíneas e detecção molecular. Foram avaliados 11 indivíduos, sendo seis de urutau-comum (Nyctibius griseus), um de urutau-grande (Nyctibius grandis), dois de seriema (Cariama cristata), um de arara-canindé (Ara ararauna) e um de harpia (Harpia harpyja), atendidos no Setor de Animais Silvestres do Hospital Veterinário da Universidade Federal de Mato Grosso, no período de março de 2023 a maio de 2025. Extensões sanguíneas foram confeccionadas e coradas pelo método de Rosenfeld, e parte das amostras foi armazenada em EDTA a -80 °C para análise molecular. A extração de DNA foi realizada a partir de 20 µL de sangue, utilizando o método de beads magnéticas. As amostras foram submetidas à reação em cadeia da polimerase convencional (cPCR) de triagem, visando à amplificação de um fragmento de 330 pares de bases do gene mitocondrial 12S rDNA. As amostras positivas foram posteriormente submetidas a uma segunda cPCR para amplificação de um fragmento de 635 pb do gene da subunidade 1 do citocromo c oxidase (COI). A análise morfológica revelou microfilárias em dois indivíduos (18,18%) de N. griseus. Na análise molecular, três dos 11 indivíduos (27,27%) foram positivos tanto na cPCR de triagem quanto na segunda cPCR, incluindo dois exemplares de N. griseus e um de H. harpyja. Duas sequências foram obtidas: uma proveniente de N. griseus, que apresentou 91,8% de similaridade (593/646 pb) com Nematoda sp. (DQ838571), previamente detectado em Spheniscus mendiculus nas Ilhas Galápagos, Equador; e outra de H. harpyja, com 90,94% de similaridade (552/607 pb) com Filaria sp. (KJ612514), detectado em Culex pipiens na França. Esses achados sugerem a possível ocorrência de diversidade ainda não descrita de filarídeos em aves silvestres. Dessa forma, reforça-se a importância da integração entre abordagens morfológicas e moleculares, bem

como do depósito de sequências em bancos de dados públicos, para o avanço do conhecimento sobre a diversidade e filogenia desses parasitos na avifauna.

Palavras-chave: avifauna; detecção molecular; extensão sanguínea; microfilária.