

RESUMO - HELMINTOLOGIA

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DO GÊNERO OSWALDOCRUZIA (NEMATODA: MOLINEIDAE) COM BASE NO GENE RIBOSSÔMICO NUCLEAR 28S

Judith Reis Moraes De Souza (judith.souza08@gmail.com)

Jonas Conduru Barros Neto (jonas.barrosneto@discente.univasf.edu.br)

Felipe Bisaggio Pereira (felipebisaggiop@hotmail.com)

Gabriela Felix Do Nascimento Silva (gabriela.silva@univasf.edu.br)

Leonardo Barros Ribeiro (leonardo.ribeiro@univasf.edu.br)

Diego César Nunes Da Silva (diego.nunes@univasf.edu.br)

Fabiano Matos Vieira (fmatosvieira@gmail.com)

O gênero *Oswaldocruzia* Travassos, 1917 representa um grupo diverso de nematóides parasitos de anfíbios e répteis, com ampla distribuição global. Na região Neotropical são reconhecidas 44 espécies, sendo 12 registradas no Brasil. Apesar dessa diversidade, as relações filogenéticas desses representantes ainda permanecem pouco elucidadas, principalmente devido à escassez de dados moleculares. Até o momento, apenas *Oswaldocruzia franciscoensis* foi caracterizada geneticamente, e ainda assim restrita ao gene

ribossomal 18S, o que limita inferências filogenéticas mais robustas e a delimitação taxonômica das espécies. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo realizar a caracterização molecular de dois morfotipos de *Oswaldocruzia* utilizando o gene ribossomal nuclear 28S, representando a primeira caracterização molecular do gênero no Brasil e na região Neotropical para esse marcador. Foram analisadas duas amostras provenientes de *Rhinella granulosa* e *Leptodactylus vastus*, coletadas em áreas de Caatinga no município de Petrolina, Pernambuco, Brasil. As sequências geradas apresentaram maior similaridade com representantes de gêneros pertencentes à superfamília Strongyloidea, especialmente *Travassostongylus* e *Nematodirus*, refletindo a escassez de sequências de *Oswaldocruzia* para o gene 28S em bases de dados. As análises filogenéticas incluíram as únicas sequências disponíveis para o gênero nesse marcador, ambas de *Oswaldocruzia filiformis* (Rússia e Turquia), que se agruparam formando um clado bem definido e com alto suporte. As sequências obtidas neste estudo agruparam-se em proximidade com esse clado, sustentando a identidade do gênero e sua afinidade com representantes de Molineidae. Nossas análises também revelaram a não monofilia de Molineidae. Esses resultados evidenciam o potencial do gene 28S para análises em nível de gênero, mas também apontam limitações na resolução de relações interespecíficas diante da baixa representatividade do grupo em bases de dados. A ampliação do número de amostras e a inclusão de outros marcadores moleculares serão essenciais para um melhor panorama das relações evolutivas entre as espécies neotropicais de *Oswaldocruzia*.

Palavras-chave: anura; molineidae; inferência filogenética; caatinga?.