RESUMO - HELMINTOLOGIA

PRIMEIRO ACHADO MOLECULAR DE ANCYLOSTOMA CANINUM, UNCINARIA STENOCEPHALA E TOXOCARA CANIS EM LOBOS-GUARÁS (CHRYSOCYON BRACHYURUS) DE VIDA LIVRE DO CERRADO BRASILEIRO

Daphnne Chelles Marins (dachelles@id.uff.br)

Isadora De Fátima Braga Magalhães (isadorabraga@id.uff.br)

Luciano Antunes Barros (lucianobarros@id.uff.br)

Eric Vinícius Rezende Bispo (evrbispo@id.uff.br)

Beatriz Pinheiro Melo Da Silva (beatrizpinheiro@id.uff.br)

Joares Adenilson May Júnior (joaresmay@gmail.com)

Rogério Cunha De Paula (rogerio.paula@icmbio.gov.br)

Sávio Freire Bruno (saviobruno@id.uff.br)

Nathalie Costa Da Cunha (nathaliecunha@id.uff.br)

O Parque Nacional da Serra da Canastra (PNSC), no Cerrado, abriga vasta população de lobos-guarás (Chrysocyon brachyurus), espécie vulnerável que atua como hospedeira de diversos parasitos. A pesquisa teve como objetivo

identificar e caracterizar morfologicamente e molecularmente os endoparasitos em amostras fecais frescas coletadas em estradas do PNSC entre abril de 2023 e junho de 2025, utilizando técnicas coproparasitológicas e análises moleculares. Das 52 amostras analisadas, a infecção parasitária para ancilostomídeos e ascarídeos foi detectada em 38,5% (20/52) das amostras, sendo 40% (12/30) positivas na estação seca e 36,4% (8/22) na estação chuvosa. Foram observadas prevalências de 60% (12/20) para Toxocara canis, 30% (6/20) para Ancylostoma caninum e 10% (2/20) para Uncinaria stenocephala. A extração de DNA dos ovos foi realizada utilizando o QiAamp DNA Stool Mini Kit (Qiagen®, Alemanha), seguida de PCR para detecção de A. caninum, A. braziliense, U. stenocephala, T. canis e T. cati das regiões rDNA 18S e ITS-2. As amostras positivas foram submetidas ao sequenciamento (Sanger) e análise das sequências por BLAST (NCBI). Os resultados do sequenciamento genético apresentaram identidade acima de 98% para A. caninum, U. stenocephala e T. canis. Este é o primeiro estudo no qual a presença dessas três espécies foi confirmada molecularmente em lobos-guarás. Estudos anteriores baseados em análises coproparasitológicas restringiram-se à identificação morfológica por microscopia óptica, sem confirmação molecular. Essa detecção reforça o papel do lobo-guará como hospedeiro de helmintos com potencial zoonótico, que são compartilhados com canídeos domésticos, pois as correlações filogenéticas apontam alta homologia com nematóides parasitos de cães. A predominância de T. canis pode estar relacionada à elevada resistência ambiental de seus ovos. A ocorrência de A. caninum e U. stenocephala evidencia a circulação de ancilostomídeos no ambiente, possivelmente associada à sobreposição ecológica entre lobos-guarás e cães domésticos. A presença de cães, principalmente de fazendas limítrofes e que têm acesso a áreas do PNSC, pode atuar como fonte de infecção e contribuir para a manutenção desses parasitos em ambientes naturais, favorecendo a transmissão interespecífica. A detecção de U. stenocephala exclusivamente na estação seca sugere uma possível influência das condições ambientais mais amenas nesse período no Cerrado, que podem favorecer a sobrevivência dos estágios infectantes dessa espécie, reconhecidamente adaptada a climas mais frios. A confirmação molecular aumenta a precisão diagnóstica e reduz incertezas taxonômicas, contribuindo para o entendimento da dinâmica

parasitária em lobos-guarás e ressaltando a importância do monitoramento de cães em áreas de conservação.

Palavras-chave: canídeos silvestres; helmintos; interface doméstico-silvestre; parque nacional da serra da canastra; sequenciamento genético.