



Uema
UNIVERSIDADE ESTADUAL
DO MARANHÃO



PPGCA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM CIÊNCIA ANIMAL

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO MARANHÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS – CCA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO – PPGCA
CURSO DE MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL
DISSERTAÇÃO**

FERNANDA MOURA FREITAS

**DETECÇÃO MOLECULAR E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE FILARÍDEOS
EM PRIMATAS *Sapajus apella* DA REGIÃO GEOGRÁFICA IMEDIATADA DE
BACABAL, MARANHÃO**

SÃO LUÍS - MA

2026

FERNANDA MOURA FREITAS

**DETECÇÃO MOLECULAR E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE FILARÍDEOS
EM PRIMATAS *Sapajus apella* DA REGIÃO GEOGRÁFICA IMEDIATADA DE
BACABAL, MARANHÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal (PPGCA/UEMA) para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Medicina Veterinária Preventiva

Linha de pesquisa: Epidemiologia, Patogênese e Controle de Doença de Animais e Microbiologia dos Alimentos

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Andréa Pereira da Costa

Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Mayra Araguaia Pereira Figueiredo

SÃO LUÍS - MA

2026

FOLHA DE APROVAÇÃO



Universidade Estadual do Maranhão
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL

ATA Nº 122

Aos quatro dias do mês de março de dois mil vinte e seis, às nove horas, compareceu em ambiente virtual - Plataforma Microsoft Teams, a Pós-Graduanda Fernanda Moura Freitas (), para apresentar e defender a Dissertação intitulada "DETECÇÃO MOLECULAR E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE FILARÍDEOS EM PRIMATAS *Sapajus apella* DA REGIÃO IMEDIATA DE BACABAL-MA", perante a Banca Examinadora de Dissertação abaixo relacionada. Após a apresentação e arguição pelos membros da Banca, a Pós-Graduanda foi considerada, APROVADA, conferindo-a o título de "Mestre em Ciência Animal", conforme as normas vigentes na Universidade Estadual do Maranhão-UEMA. Encerrados os trabalhos foi lavrado a presente ATA que, após lida por mim, professora Dr.^a Andréa Pereira da Costa (Orientadora), e aprovada, recebeu a assinatura dos membros da Banca. A versão final da Dissertação deverá ser entregue ao Programa, no prazo de 60 dias, contendo as modificações sugeridas pela banca examinadora e constante na folha de correção anexa, conforme o Art. 59º §3º do Regimento Interno do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal-PPGCA/UEMA. A Pós- graduanda não terá o título se não cumprir as exigências acima.

Dr.(a) ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE, UNESP
Examinador(a) Externo à Instituição



Documento assinado digitalmente
ESTEVAM GUILHERME LUX HOPPE
Data: 23/03/2026 14:08:58-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

ELLAINY MARIA CONCEICAO SILVA, UEMA
Examinador(a) Interno



Documento assinado digitalmente
ELLAINY MARIA CONCEICAO SILVA
Data: 27/03/2026 16:14:30-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Dr.(a) ANDREA PEREIRA DA COSTA, UEMA
Presidente(a)



Documento assinado digitalmente
ANDREA PEREIRA DA COSTA
Data: 07/03/2026 09:25:13-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

FERNANDA MOURA FREITAS
Mestrando(a)



Documento assinado digitalmente
FERNANDA MOURA FREITAS
Data: 29/03/2026 17:32:05-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Freitas, Fernanda Moura Detecção molecular e análise filogenética de filarídeos em primatas *sapajus apella* da região geográfica imediata de Bacabal, Maranhão. / Fernanda Moura Freitas. – São Luis, MA, 2026.

69 f

Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Estadual do Maranhão, 2026.

Orientador(a): Profa. Dra. Andréa Pereira da Costa.

1.Cox1. 2.Dipetalonema. 3.Microfilaria. I.Título.

CDU: 599.8:636.09

Elaborado por Cássia Diniz - CRB 13/910

“Um cientista no seu laboratório não é apenas um técnico: é, também, uma criança colocada à frente de fenômenos naturais que impressionam como se fossem um conto de fadas.”

Marie Curie

Aos meus pais. Sem vocês nada disso seria possível.

AGRADECIMENTOS

Agradeço imensamente a Deus por toda força nesses dois anos de caminhada. Por iluminar e direcionar meu caminho todas as vezes que me senti perdida e achava que nada tinha solução.

À minha família, por ser minha base. Meus pais, Raimundo Alacides Raposo Freitas e Maria Célia Silva Moura, que nunca mediram esforços para me dar o melhor, mesmo que isso significasse abrir mão de si mesmos. Vocês sempre me deram forças para continuar e lutaram pela minha educação e para que eu pudesse realizar meus sonhos. Em todos os momentos que eu duvidei que não pudesse conseguir, foram vocês que me ajudaram a me reerguer. Vocês são o motivo de tudo, agradeço por serem os amores da minha vida. Eu tenho sorte de ter vocês como pais. Aos meus irmãos, Wallace Moura Freitas, meu melhor amigo, obrigada por tornar meus dias mais leves e divertidos. Você sempre será meu irmãozinho. À Arielle Moura Freitas, por cada conselho e palavra de conforto, e por ter me dado o melhor presente que eu já recebi: minha sobrinha Eloah. Ao Joelison Moura Freitas, agradeço por sua presença constante, mesmo estando longe há mais de dez anos. A vocês todo o meu amor.

À minha querida orientadora e amiga Andréa Pereira da Costa. Das pessoas que eu mais agradeço a Deus por ter colocado na minha vida, a senhora sempre está incluída. A construção da nossa relação foi tão leve e regada de amor, brincadeiras, orientação, confiança, conselhos e parceria. Eu serei eternamente grata a senhora por sempre ter incentivado meu crescimento profissional e pelas oportunidades que a senhora abriu na minha vida. Obrigada por sempre confiar em mim. Você foi (e sempre será) a melhor orientadora que eu já tive. Eu me inspiro todos os dias na sua história e por quem a senhora se tornou. A senhora é um espelho para mim.

À professora Rita. Nosso encontro nessa vida não foi por acaso. O carinho, admiração e amor que construí por a senhora foi algo tão genuíno e recíproco que é algo que eu quero levar comigo por toda a vida. Obrigada por me aconselhar sempre, suas palavras sempre tiveram muita importância para mim. Você é exemplo para mim de força e cuidado com o próximo.

As minhas melhores amigas, Hérica Vaz Ferreira e Hanne Gabrielle Cartagenes Bezerra. Vocês há mais de 10 anos me mostram o que é ser amada em voz alta. Vocês já me salvaram tantas vezes, de tantas formas. Obrigada por permanecerem SEMPRE. Eu amo vocês.

Ao Raphael Guedes, meu melhor amigo e meu acaso mais bonito. Se almas gêmeas existem na amizade, não tenho dúvidas de que você é a minha. Obrigada por dar mais sentido aos meus dias, por ser meu riso mais fácil, por pintar minha vida com as cores mais vibrantes e

por ser meu melhor lugar do mundo (seja lá onde quer que eu esteja). Estar com você é lembrar quem eu sou quando eu mesma esqueço. Você me traz a mesma sensação de escutar o solo de Stairway To Heaven. Eu te amo, a vida só tem graça com você.

Agradeço ao meu amigo Luís Gabriel Peixoto. Sou imensamente grata por ter você na minha vida e por sua presença constante. Obrigada por sempre permanecer.

À minha grande amiga Ana Isabela. Obrigada por deixar minha vida mais colorida e BELA. Dividir a vida com você (e com os nossos bregas) é uma das minhas maiores alegrias.

Aos meus amigos da graduação Vinicius Braz Teixeira da Silva, Gianluca Lima Berredo, Matheus Ferreira e Nathalia Lima Dorner. Vocês são essenciais na minha vida. Obrigada por toda a caminhada e companheirismo até aqui.

Agradeço aos amigos que a pós-graduação me presenteou. À Juliana Fernanda, que se tornou alguém extremamente especial para mim. Sua amizade, apoio e presença foram essenciais nesses dois anos. Sou profundamente grata por você ter sido tão AMIGA, sempre prestativa e presente. Ao Edvaldo Franco Amorim, obrigada por alegrar meus dias com seu jeito único e suas piadas sem graça, que sempre me arrancam um sorriso. Sou grata pelas oportunidades, pela parceria e pelos conselhos que levarei comigo.

Agradeço a toda a equipe do Laboratório de Parasitologia e Doenças Parasitárias. Desde que entrei no mestrado, sinto que ganhei uma família. Sempre me senti acolhida e em casa (poucos lugares eu me sinto assim). Ao professor Francisco Borges por toda a parceria, confiança, oportunidades e por sempre estar disposto a me ensinar algo. Agradeço especialmente à Fernanda Tanaka, que se tornou uma grande amiga de forma tão inesperada. Obrigada por tornar meus dias mais leves e divertidos. À Renata Mondêgo (Renatinha), por toda a doçura e paciência desde o início. À Nagilla Raquel, minha parceira dos primatas, sua alegria e leveza contagiam minha rotina. À Danielle Coutinho, por todo o suporte e disponibilidade sempre que precisei. À Thaís Bastos, por ser tão querida e sempre pronta a ajudar. E a toda a equipe do laboratório, deixo aqui meus sinceros agradecimentos por cada gesto de acolhimento, parceria e amizade.

Agradeço de todo o coração aos profissionais do Laboratório de Parasitologia da Universidade de Varsóvia, em especial a Anna Bajer e Mohammed Al-Sarraf. Sou grata pelos ensinamentos, pela parceria que construímos e por todo cuidado dedicado a mim. Eu me senti em casa desde o primeiro dia que coloquei os pés no laboratório (talvez por isso tenha sido tão difícil partir). Obrigada por me proporcionarem um ambiente acolhedor, inspirador e repleto de aprendizado.

Agradeço ao Programa de Pós-graduação em Ciência Animal (PPGCA), a CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e a Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA), pelo apoio estrutural e financeiro que permitiram a realização desta pesquisa

CEUA



COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS

PROPESQ



CERTIFICADO DE AUTORIZAÇÃO DO USO DE ANIMAIS DE VIDA LIVRE nº 036-2024-A

Certificamos que a proposta intitulada " **Deteção molecular e análise filogenética de *Trypanosoma* spp. em primatas neotropicais das regiões geográficas intermediárias de Santa Inês-Bacabal - Maranhão, Brasil** ", registrada com o nº **036-2024-A**, sob a responsabilidade da Profa. Dra. Mayra Araguaia Pereira Figueiredo, que envolve a produção, manutenção ou utilização de animais pertencentes ao filo Chordata, subfilo Vertebrata (exceto humanos), fins de pesquisa científica (ou ensino) - encontra-se de acordo com os preceitos da Lei nº 11.794, de 8 de outubro de 2008, do Decreto nº 6.899, de 15 de julho de 2009, e com as normas editadas pelo Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal –CONCEA, e foi **aprovada** pela COMISSÃO DE ÉTICA NO USO DE ANIMAIS da Universidade Federal de Rondônia (CEUA-UNIR), em reunião de 04/07/2024.

Vigência da autorização	05/07/2024 a 01/08/2026
Finalidade	() Ensino (x) Pesquisa Científica
Nº da Solicitação ou Autorização SISBIO	93995-1-2024
Atividade(s)	(x) Captura (x) Coleta de espécimes (X) Marcação (X) Outras: Coleta de tecidos, fluidos corporais, material biológico, carcaças
Espécies/Grupos Taxonômicos	Macaco-de-cheiro (<i>Saimiri sciureus</i>) e Macaco-prego (<i>Sapajus libidinosus</i>)
Local(is) de realização das atividades	Santa Inês-Bacabal - Maranhão, Brasil

Presidente da Comissão Avaliadora da CEUA-UNIR

Portaria 181/2023/GR/UNIR de 16 de março de 2023

DETECÇÃO MOLECULAR E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE FILARÍDEOS EM PRIMATAS *Sapajus apella* DA REGIÃO GEOGRÁFICA IMEDIATADA DE BACABAL, MARANHÃO

RESUMO- Os filarídeos são nematódeos pertencentes à superfamília Filarioidea, reconhecidos por infectar diversos grupos de vertebrados, incluindo primatas neotropicais. No Brasil, apesar da ampla distribuição e diversidade de espécies do gênero *Sapajus*, ainda são escassos os estudos voltados à detecção desses parasitos em populações silvestres. No Maranhão, particularmente na Região Imediata de Bacabal, uma área de transição ecológica entre biomas, com alta biodiversidade e interação entre fauna silvestre e ambientes antrópicos, ainda não foram realizados estudos sobre filarídeos em primatas neotropicais de vida livre. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo realizar a detecção molecular e caracterização filogenética de filarídeos detectados em *Sapajus apella* da região. Entre setembro de 2024 e janeiro de 2025, indivíduos da espécie *S. apella* foram capturados utilizando armadilhas do tipo *Tomahawk*. Após a contenção, amostras de sangue foram coletadas por punção da veia jugular ou femoral. Parte das amostras foi destinada à confecção de esfregaços sanguíneos, corados pelo método panótico, enquanto outra fração foi utilizada para extração de DNA genômico utilizando o kit QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN®, Alemanha). O DNA extraído foi amplificado por meio da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) direcionado ao gene *cox1*, 18S e 12 S, seguido de sequenciamento Sanger. As sequências obtidas para o gene *cox1* foram analisadas por BLAST e utilizadas para inferência filogenética pelo método de Máxima Verossimilhança. Gotas de sangue foram adicionadas em meio LIT para cultivo de *Trypanosoma* para realização de um projeto paralelo. Dos 14 indivíduos de *S. apella* analisados, três (21,43%) indivíduos foram positivos com presença de formas parasitárias nos esfregaços sanguíneos. Com relação a PCR, seis (42,85%) amostras foram positivas para os genes *cox1*, 18S e 12 S. Todas as amostras amplificadas foram submetidas ao sequenciamento, entretanto, para o gene *cox1*, quatro delas (66,7%) apresentaram qualidade adequada para análise, sendo utilizadas na construção da árvore filogenética. As sequências obtidas apresentaram identidade entre 96% e 99% com *Dipetalonema gracile* segundo o BLAST, agrupando-se exclusivamente no clado do gênero *Dipetalonema*. Os resultados confirmam a ocorrência de filarídeos do gênero *Dipetalonema* em *S. apella* no Maranhão. Este estudo representa o primeiro registro da presença desse parasito em primatas dessa espécie no estado, ampliando o conhecimento sobre a distribuição de filarídeos em primatas neotropicais no Brasil.

Palavras-chave: *Cox1*, *Dipetalonema*, Microfilárias

**MOLECULAR DETECTION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF
FILARIDAE IN *Sapajus apella* PRIMATES FROM THE IMMEDIATE REGION OF
BACABAL, MARANHÃO**

ABSTRACT- Filarids are nematodes belonging to the superfamily Filarioidea, recognized for infecting various groups of vertebrates, including Neotropical primates. In Brazil, despite the wide distribution and diversity of species of the genus *Sapajus*, studies aimed at detecting these parasites in wild populations are still scarce. In Maranhão, particularly in the Immediate Region of Bacabal, an ecological transition area between biomes, with high biodiversity and interaction between wildlife and anthropogenic environments, no studies have yet been carried out on filarids in free-ranging Neotropical primates. In this context, the present study aimed to perform the molecular detection and phylogenetic characterization of filarids detected in *Sapajus apella* from the region. Between September 2024 and January 2025, individuals of the species *S. apella* were captured using Tomahawk traps. After restraint, blood samples were collected by puncture of the jugular or femoral vein. Part of the samples was used for the preparation of blood smears, stained by the panoptic method, while another fraction was used for genomic DNA extraction using the QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN®, Germany). The extracted DNA was amplified by Polymerase Chain Reaction (PCR) targeting the *cox1*, 18S, and 12S genes, followed by Sanger sequencing. The sequences obtained for the *cox1* gene were analyzed by BLAST and used for phylogenetic inference by the Maximum Likelihood method. Drops of blood were added to LIT medium for *Trypanosoma* culture for a parallel project. Of the 14 individuals of *S. apella* analyzed, three (21.43%) individuals were positive with the presence of parasitic forms in blood smears. Regarding PCR, six (42.85%) samples were positive for the *cox1*, 18S, and 12S genes. All amplified samples were submitted to sequencing; however, for the *cox1* gene, four of them (66.7%) presented adequate quality for analysis and were used in the construction of the phylogenetic tree. The sequences obtained showed identity between 96% and 99% with *Dipetalonema gracile* according to BLAST, clustering exclusively within the clade of the genus *Dipetalonema*. The results confirm the occurrence of filarids of the genus *Dipetalonema* in *S. apella* in Maranhão. This study represents the first record of the presence of this parasite in primates of this species in the state, expanding knowledge about the distribution of filarids in Neotropical primates in Brazil.

Keywords: *Cox1*, *Dipetalonema*, Microfilariae

LISTA DE ABREVIATURAS

BLAST	<i>Basic Local Alignment Search Tool</i>
bp	Pares de base
CAPES	Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior
CEUA	Comissão de Ética no Uso de Animais
cox1/COI	Subunidade I da Citocromo c Oxidase
DMEM	<i>Dulbecco's Modified Eagle Medium</i>
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EDTA	Ácido Etilenodiaminotetracético
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
ICMBio	Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade
IUCN	União Internacional para a Conservação da Natureza
kg	Quilograma
LIT	<i>Liver Infusion Tryptose</i>
mg	Miligrama
mm	Milímetro
mtDNA	DNA mitocondrial
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
rRNA	RNA ribossômico
RPMI-1640	<i>Roswell Park Memorial Institute</i>
UEMA	Universidade Estadual do Maranhão
μL	Microlitro

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Registros de nematódeos filarídeos do gênero <i>Dipetalonema</i> , hospedeiros primatas, localidades e referências	31
Tabela 2- Genes alvos, sequências de nucleotídeos, tamanhos de pares de bases e referência dos primers utilizados	42
Tabela 3- Código de identificação, origem, tipo de amostra e região genética amplificada ...	42
Tabela 4- Informações dos primatas <i>Sapajus apella</i> capturados em Lago da Pedra, Maranhão, incluindo sexo, faixa etária, peso, medidas corporais e horário de captura	44
Tabela 5- Concentração de DNA de amostras sanguíneas de <i>Sapajus apella</i>	46
Tabela 6- Comparação entre resultados microscópicos e moleculares (PCR) de amostras obtidas de primatas <i>Sapajus apella</i> do município de Lago da Pedra	48
Tabela 7- Resultados da análise BLAST das sequências do gene <i>cox1</i> obtidas nas amostras 1, 4, 5 e 12.	49

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Ilustração de ciclo de <i>Dipetalonema</i> spp.	30
Figura 2- Mapa de localização do município de Lago da Pedra, Maranhão	37
Figura 3- Sedação de primata em gaiola de contenção utilizando o anestésico cloridato de zolazepam.	39
Figura 4- Medições biométricas de primatas. A. Comprimento corporal. B. Comprimento da cauda.	40
Figura 5- Imagem registrada por câmera de monitoramento noturno em outubro de 2024, exibindo primatas nas proximidades de uma armadilha Tomahawk, no município de Lago da Pedra, Maranhão	44
Figura 6- Microfilária observada em esfregaço sanguíneo de Amostra 4 de <i>Sapajus apella</i> , proveniente do município de Lago da Pedra, Maranhão	45
Figura 7- Microfilária observada em meio de cultura LIT da amostra 4 de <i>Sapajus apella</i> , proveniente do município de Lago da Pedra, Maranhão.	46
Figura 8- Amplificação por PCR do gene mitocondrial <i>cox1</i> (~649 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de <i>Sapajus apella</i> coletadas em Lago da Pedra, Maranhão	47
Figura 9- Amplificação por PCR do gene 18S (~850 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de <i>Sapajus apella</i> coletadas em Lago da Pedra, Maranhão.....	47
Figura 10- Amplificação por PCR do gene 12S (~450 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de <i>Sapajus apella</i> coletadas em Lago da Pedra, Maranhão.....	48
Figura 11- Inferência filogenética por Máxima Verossimilhança baseada no gene <i>cox-1</i> , incluindo quatro amostras do presente estudo (<i>Sapajus apella</i> —1, 4, 9 e 12) e sequências de referências.....	50

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	18
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	19
2.1 Primatas não humanos	19
2.1.1 Primatas neotropicais	21
2.1.2 Gênero <i>Sapajus</i>	22
2.1.3 <i>Sapajus apella</i> (Linnaeus, 1758).....	23
2.2 Infecções parasitárias em primatas neotropicais	24
2.3 Filarídeos: aspectos gerais	25
2.3.1 Família Onchocercidae (Leiper, 1911).....	26
2.4 Filarídeos em primatas neotropicais: <i>Dipetalonema</i> spp. (Diesing, 1861)	27
2.4.2 Hospedeiros vertebrados e artrópodes.....	28
2.4.3 Ciclo biológico	29
2.4.4 Sinais clínicos	30
2.4.5 Epidemiologia.....	31
2.5 Diagnóstico de filarídeos	34
3. OBJETIVOS	36
3.1 Objetivo geral.....	36
3.2 Objetivos específicos	36
4. Material e Métodos.....	37
4.1 Aspectos legais	37
4.2 Local do estudo.....	37
4.3 Captura de primatas.....	38
4.5 Processamento das amostras.....	40
4.5.1 Esfregaço sanguíneo	40
4.5.2 Extração de DNA.....	41
4.5.3 Diagnóstico molecular	41
4.5.4 Análises filogenéticas.....	43
5. RESULTADOS	43
6. DISCUSSÃO	50
7. CONCLUSÃO	56
REFERÊNCIAS	56

ANEXO A- Autorização do Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (SISBIO) do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBIO).....71

1. INTRODUÇÃO

Primatas neotropicais do gênero *Sapajus* constituem um grupo de mamíferos com ampla distribuição na América do Sul, ocupando diversos biomas, incluindo a Amazônia, o Cerrado, a Caatinga e zonas de transição ecológica entre esses ambientes (Martins et al., 2023; Costa-Araújo et al., 2024). Esses animais desempenham papel ecológico fundamental, contribuindo para a regeneração florestal e a manutenção da saúde dos ecossistemas, principalmente por meio da dispersão de sementes (Estrada et al., 2017). Entretanto, essas populações vêm sofrendo declínio acentuado, principalmente em decorrência da intensa fragmentação de habitats naturais, resultando em uma maior aproximação entre esses animais e seres humanos (Taylor et al., 2001; Gillespie; Nunn; Leendertz, 2008; Galán-Acedo et al., 2023). Nesse cenário de fragmentação ambiental, os primatas ficam mais susceptíveis à exposição e circulação de agentes infecciosos (Estrada et al., 2017), dentre os quais se destacam os nematoides filarídeos (Corrêa et al., 2016).

Filarídeos (Ordem Spirurida) são parasitos transmitidos por vetores artrópodes como mosquitos, pulgas e moscas-pretas (Anderson et al., 2000; Vanderhoeven et al., 2017; Wilson et al., 2017; Rivera-Martínez et al., 2025). Entre os filarídeos associados a primatas no continente americano, os gêneros *Dipetalonema* e *Mansonella* são os mais frequentemente relatados (Downes et al., 2010; Tavares da Silva et al., 2017; Laidoudi et al., 2020). O gênero *Dipetalonema* apresenta ocorrência exclusiva em primatas e pode estar associado a quadros clínicos graves, predispondo os hospedeiros a infecções secundárias potencialmente fatais (Strait et al., 2012; Lefoulon et al., 2015; Ehlers et al., 2022). Apesar da relevância desses parasitos, estudos voltados à detecção e caracterização de filarídeos em primatas de vida livre ainda são escassos (Conga et al., 2022), especialmente no Nordeste brasileiro, onde a diversidade parasitária permanece subestimada.

A escassez de dados sobre filarídeos em primatas de vida livre é preocupante, uma vez que o estudo dessas infecções transcende a medicina veterinária, inserindo-se no conceito de Uma Só Saúde (One Health) (Thompson, 2013; Blake; Betson, 2016; Garg; Banerjee, 2021; Deiana et al., 2024). Nesse contexto, o parasitismo em animais silvestres constitui um importante bioindicador das condições atuais dos ecossistemas, refletindo a disseminação de patógenos e possíveis desequilíbrios ambientais (Lymbery, 2005; Gomes, 2011; Phillips et al., 2014). Além disso, algumas espécies de filarídeos que infectam primatas possuem relevância para a saúde humana, como *Mansonella ozzardi*, *Mansonella streptocerca* e *Mansonella perstans*, estando associadas a manifestações clínicas que variam de quadros assintomáticos ou

leves até formas mais graves (Asio et al., 2009; Simonsen et al., 2011; Asgeirsson et al., 2017). Para que a vigilância em Uma só Saúde seja efetiva, contudo, é imperativo o uso de métodos diagnósticos precisos, visto que as limitações da morfologia clássica frequentemente subestimam a diversidade desses parasitos (Schurer et al., 2016).

Os diagnósticos baseados na morfologia parasitária, embora amplamente utilizados na identificação de infecções parasitárias, apresentam limitações quanto à sensibilidade e à especificidade. Diante dessas limitações, as técnicas moleculares, como a Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), têm se mostrado alternativas eficazes, permitindo a detecção de parasitos mesmo em casos de baixa carga parasitária (Medeiros et al., 2018; Aththanayaka et al., 2024). Em estudos mais recentes envolvendo filarídeos em primatas, a PCR tem sido associada a análises filogenéticas (Laidoudi et al., 2020; Zárate-Rendón et al., 2022; Ehlers et al., 2023), possibilitando a investigação da história evolutiva desses organismos, a identificação de espécies intimamente relacionadas e a inferência de linhagens que compartilham ancestrais comuns (Crandall et al., 2008; Granai, 2025).

A aplicação dessas ferramentas moleculares torna-se prioritária em áreas de ecótono e intensa pressão antrópica, como é o caso da Região Geográfica Imediata de Bacabal, no Maranhão. Esta localidade, caracterizada pela transição entre biomas e pela fragmentação florestal, cria o cenário ideal para o estudo da dinâmica de parasitos em populações de *Sapajus apella*, que coabitam áreas próximas a assentamentos humanos. Apesar da relevância ecológica dessa região, nota-se uma lacuna crítica de estudos que utilizem abordagens moleculares para o diagnóstico de filarídeos no estado. Portanto, este estudo justifica-se pela necessidade de preencher esse vazio epidemiológico, gerando dados que auxiliem na conservação da fauna silvestre e na vigilância em saúde. Ademais, tal investigação alinha-se aos objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da Agenda 2030, contribuindo diretamente para as metas de Saúde e Bem-Estar (ODS 3) e de Proteção da Vida Terrestre (ODS 15).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Primatas não humanos

Os primatas não humanos (Ordem Primates) representam o terceiro maior grupo de mamíferos, composto por aproximadamente 539 espécies distribuídas em 91 países, com destaque para países neotropicais, África continental, Madagascar, Sul da Ásia e Sudeste Asiático (Estrada et al., 2017; Estrada et al., 2020; IUCN, 2024). O Brasil, reconhecido como um dos países mais ricos em biodiversidade, abriga a maior diversidade de primatas do mundo,

com cerca de 140 táxons registrados e distribuídos em todos os biomas do país, que incluem Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica, Caatinga, Pantanal e Pampa (Cavalcante; Prado; Serrano-Villavicencio, 2025).

São classificados em duas grandes subordens: Strepsirrhini, que abrange as infraordens Lorisiformes, Chiromyiformes e Lemuriformes; e Haplorrhini, que inclui Tarsiiformes, Platyrrhini e Catarrhini. Os primatas do Novo Mundo pertencem à infraordem Platyrrhini, grupo amplamente distribuído na região Neotropical e que inclui espécies com relevância ecológica e epidemiológica, como *S. apella* (Perelman et al., 2011).

Os primatas apresentam uma clavícula bem desenvolvida, unhas achatadas, dedos oponíveis, visão binocular e colorida, além de um cérebro relativamente grande em relação ao tamanho corporal, com altas habilidades cognitivas (Fleague, 2013; Melchionna et al., 2019; Maier et al., 2022). Possuem portes que variam de 9,2 cm a 1,8 m de comprimento e pesos que vão de aproximadamente 30 g a 209 kg (Dammhahn; Kappeler, 2008). Primatas de maior porte corporal tendem a apresentar maior diversidade parasitária quando comparados a espécies de menor porte (Notarnicola, 2004). Em enfermidades parasitárias transmitidas por vetores, esse padrão pode estar relacionado à maior atratividade de hospedeiros vertebrados maiores, que emitem compostos voláteis mais intensos, como dióxido de carbono (CO₂), favorecendo a aproximação e alimentação de vetores hematófagos, como mosquitos e dípteros Culicoides (Takken; Verhulst, 2013; Elbers; González, 2023).

São animais de dieta bastante variável, podendo incluir frutas, insetos e pequenos vertebrados. Apresentam ampla plasticidade ecológica, com variação no uso do habitat e nos estratos ocupados, incluindo hábitos predominantemente arborícolas, semiarborícolas ou terrícolas, a depender da espécie (Mittermeier et al., 2022). Essa diversidade ecológica pode influenciar o contato com diferentes vetores hematófagos e, conseqüentemente, os padrões de infecção por parasitos transmitidos por artrópodes (Hendy et al., 2021).

As estruturas sociais dos primatas variam amplamente entre as espécies e podem influenciar a dinâmica de transmissão de parasitos, uma vez que o tamanho dos grupos, o grau de contato entre os indivíduos e os comportamentos sociais favorecem a exposição a agentes infecciosos e vetores (Nunn & Altizer, 2006; Altizer et al., 2011). Em primatas, a vida em grupos sociais está associada a maior probabilidade de contato direto e indireto, o que pode impactar a circulação de parasitos em populações silvestres (Schmid-Hempel, 2021).

Primatas não humanos exercem importantes funções para o equilíbrio dos ecossistemas, como a polinização e o controle de vetores de doenças e pragas agrícolas (Estrada, 2006; Mikich

et al., 2015; McConkey, 2018; Aguado et al., 2022), além de contribuírem para regeneração de florestas tropicais por meio da dispersão de sementes no ambiente (Chapman et al., 2013). Além de funções ecológicas, também apresentam relevância científica, auxiliando no entendimento de processos evolutivos, comportamento e saúde humana (Estrada et al., 2017; Phillips et al., 2014).

Diversas espécies de primatas encontram-se atualmente em status de conservação preocupante, especialmente em regiões neotropicais, em decorrência de intensas pressões antrópicas (Estrada et al., 2017). Os principais fatores que ameaçam a sobrevivência dos primatas incluem a fragmentação progressiva e perda de habitat, o comércio ilegal de fauna silvestre e o acometimento por doenças infecciosas (Shostell et al., 2016; Wilson et al., 2021; Ehlers et al., 2022; Estrada & Garber, 2022). Estudos indicam um declínio de aproximadamente 60% das populações de primatas existentes (Estrada et al., 2017) e estimam que, até o final do século XXI, cerca de 78% do habitat dos primatas em território brasileiro estará fragmentado em decorrência de ações antrópicas (Estrada et al., 2018).

A intensa fragmentação de habitats naturais modifica a dinâmica de contato entre primatas não humanos e seres humanos, criando condições favoráveis à circulação e transmissão de patógenos com potencial zoonótico (Galán-Acedo et al., 2019; Patouillat et al., 2024). A presença de reservatórios e vetores competentes em áreas próximas a ambientes urbanos favorece a transmissão desses agentes para populações humanas, incluindo filarídeos (Young et al., 2013; Devaux et al., 2019). Além disso, devido à proximidade genética e fisiológica entre humanos e primatas, há uma maior probabilidade de compartilhamento de patógenos entre esses hospedeiros (Davies; Pedersen, 2008; Jones et al., 2008). Essas interações entre a saúde animal, ambiental e humana são abordadas sob uma perspectiva de Uma Só Saúde, que reconhece que melhorar a saúde animal e ambiental pode ter um impacto positivo na saúde humana, caracterizando-se como uma importante ferramenta para o entendimento, prevenção e controle de doenças (Saéz et al., 2015; Kelly et al., 2017; Hussein et al., 2023).

2.1.1 Primatas neotropicais

A infraordem Platyrrhini compreende os primatas do Novo Mundo, ou neotropicais, que habitam principalmente as florestas das Américas e tiveram origem há aproximadamente 43,5 milhões de anos (Silvestro et al., 2019). São caracterizados pela presença de uma cauda preênsil, narinas amplamente espaçadas e lateralizadas e por um par adicional de pré-molares nas arcadas superior e inferior, totalizando 36 dentes (Fleague, 2013).

A taxonomia dos primatas neotropicais e quantidade de espécies descritas variou consideravelmente ao longo dos anos. Em 2012, eram reconhecidas 208 espécies e subespécies distribuídas em 20 gêneros (Rylands et al., 2012). Os dados mais recentes contabilizam 218 espécies, incluindo 29 subespécies (Rylands & Mittermeier, 2024).

Os primatas do Novo Mundo estão distribuídos em cinco famílias taxonômicas. A família Callithrichidae reúne os gêneros *Callithrix*, *Mico*, *Cebuella*, *Saguinus*, *Leontopithecus*, *Callimico* e *Leontocebus*. A família Cebidae inclui os gêneros *Sapajus*, *Cebus* e *Saimiri*. A família Aotidae é composta exclusivamente pelo gênero *Aotus*, enquanto a família Pitheciidae engloba os gêneros *Plecturocebus*, *Pithecia*, *Chiropotes* e *Cacajao*. A família Atelidae engloba os gêneros *Alouatta*, *Ateles*, *Lagothrix* e *Brachyteles* (Rylands et al., 2012; Verona; Pissinatti, 2014; Rylands; Mittermeier, 2024).

Os macacos-prego, como são popularmente conhecidos, pertencem à família Cebidae e são representados pelos gêneros *Cebus* (formas gráciles) e *Sapajus* (formas robustas) (Alfaro et al., 2012). A taxonomia e a diversidade de espécies desses dois grupos estão entre as mais debatidas entre os primatas do Novo Mundo (Boubli et al., 2012; Rylands; Mittermeier, 2013). Durante muito tempo ambos eram agrupados em um mesmo gênero, contudo, estudos genéticos utilizando uma combinação de marcadores mtDNA e nuclear, validaram a separação em dois clados distintos (Perelman et al., 2011; Lynch Alfaro et al., 2012; Lima et al., 2017).

2.1.2 Gênero *Sapajus*

O gênero *Sapajus*, reconhecido pelo característico topete no topo da cabeça, é composto por primatas de porte médio. Apresentam ampla distribuição na América do Sul, ocorrendo nos biomas Amazônia, Mata Atlântica, Pantanal, Caatinga e Cerrado no Brasil (Rylands et al., 2013). Estudos filogenéticos apontam que a origem do gênero ocorreu há mais de 2,7 milhões de anos, possivelmente em ambientes de Floresta Atlântica ou savana do Cerrado (Lynch-Alfaro et al., 2012).

Formam grupos compostos de 10 a 35 indivíduos (La Salles et al., 2018), que geralmente incluem um macho e uma fêmea dominantes, que são determinados de acordo com o tamanho corporal e idade (Linn et al., 1995). São animais poligâmicos, podendo ocorrer acasalamentos entre indivíduos do mesmo grupo ou de distintos grupos sociais (Di Bitetti; Janson, 2001).

Sua taxonomia é amplamente debatida, com variações no número de espécies descritas. Estudos apontam desde quatro espécies, conforme Lima et al. (2017), até oito, de acordo com Rylands et al. (2013). Classificações intermediárias incluem seis espécies, propostas por Lima et al. (2018) e sete por Silva (2001).

De acordo com a classificação proposta por Rylands *et al.* (2013) o gênero *Sapajus* compreende oito espécies, que inclui *Sapajus xanthosternos*, *Sapajus macrocephalus*, *Sapajus cay*, *Sapajus libidinosus*, *Sapajus flavius*, *Sapajus robustus*, *Sapajus nigritus* e *S. apella*.

2.1.3 *Sapajus apella* (Linnaeus, 1758)

A espécie *S. apella* ocorre em diferentes países da América do sul, como Guiana, Suriname, Guiana Francesa, Venezuela e Brasil, sendo que neste último, sua distribuição inclui os estados do Maranhão, Amapá, Amazonas, Mato Grosso, Pará, Rondônia e Roraima (Rylands *et al.* 2008; Rylands; Mittermeier, 2013; Boubli *et al.*, 2021). Estudos indicam a alta adaptabilidade da espécie a variados tipos de vegetações como a floresta aberta de terra firme, floresta aberta inundável, florestas de transição (Amazônia-Cerrado) e floresta densa inundável (Emmons; Feer, 1997; Mendes, 1997). Essa plasticidade ecológica permite que esses animais estejam expostos a uma maior diversidade de vetores hematófagos, os quais ocorrem em diferentes tipos de ambientes (Thongsripong *et al.*, 2013; Farner *et al.*, 2025).

São animais diurnos e arborícolas, geralmente encontrados no estrato arbóreo intermediário (Rylands; Mittermeier 2013). Formam grupos compostos de 10 a 20 indivíduos (Souvignet *et al.*, 2019), e são frequentemente avistados coexistindo de forma pacífica com outras espécies de primatas, como os macacos-de-cheiro (*Saimiri* spp.). Essa convivência pode beneficiar ambos os grupos, principalmente quando se trata da defesa contra predadores (Rylands, 1987; Pinheiro *et al.*, 2011).

Possuem dieta flexível que inclui frutos, sementes, flores, folhas, insetos e pequenos vertebrados (Fragaszy *et al.*, 2004). Durante estações de seca, forrageiam o ambiente grande parte do dia em busca de alimentos, principalmente em ambientes próximos a palmeiras. Entre as espécies mais exploradas destacam-se as do gênero *Attalea*, como *Attalea maripa* (anajá) (Spironello, 1991; Gunst *et al.*, 2010). Comportamentos exploratórios, como o forrageamento, podem aumentar a exposição de primatas a agentes infecciosos (McCabe; Leitor; Freira, 2015). Por exemplo, espécies que forrageiam insetos ou escavam o solo em busca de alimento aumentam a probabilidade de exposição a diferentes espécies de helmintos (Nunn; Altizer, 2006; Ghai *et al.*, 2014).

Morfologicamente, a espécie apresenta focinho achatado e uma face de pelagem marrom-clara. A coloração da parte superior do corpo é de tonalidade marrom escura, enquanto a parte inferior apresenta tons mais claros que variam entre o amarelo e vermelho. Fêmeas pesam entre 1,3 e 3,4 kg e machos de 2,3 a 4,8 kg. O comprimento corporal geralmente varia

de 38 a 46 cm, enquanto o comprimento da cauda varia entre 38 e 49 cm (Souvignet et al., 2019).

Em ambiente natural, as fêmeas atingem a maturidade sexual entre os 5 a 7 anos de idade, enquanto machos com aproximadamente 8 anos (Fragaszy et al., 2004; Janson et al., 2014). Em condições de cativeiro, no entanto, essa maturidade sexual pode ser atingida até dois anos antes (Carosi et al., 2005). A expectativa de vida é relativamente alta quando comparada a outras espécies de primatas neotropicais, variando de acordo com o habitat e influências ambientais (Reilly et al., 2023). De modo geral, animais em cativeiro podem viver por mais de 50 anos (Fragaszy et al., 2004), enquanto animais de vida livre vivem em torno de 30 anos (Robinson, 1988).

2.2 Infecções parasitárias em primatas neotropicais

Primatas neotropicais são importantes hospedeiros naturais e acidentais de uma variedade de parasitas, incluindo protozoários, ectoparasitas, cestódios, trematódeos, acantocéfalos, pentastomidos e, principalmente, nematóides. Essa vulnerabilidade a diferentes parasitas pode ser explicada por uma combinação de fatores ambientais, pelo tipo de dieta e o comportamento social caracterizado por estreitas interações (Solórzano-garcia; de León, 2018).

Os impactos das infecções parasitárias variam conforme o agente etiológico envolvido e a carga parasitária. De modo geral, animais infectados podem apresentar desde quadros subclínicos até manifestações mais graves, como sinais gastrointestinais, dificuldades respiratórias e quadros sistêmicos, que, em casos mais severos, podem levar ao óbito (Patz et al., 2000; Bezerra-Santos et al., 2021; Salvarani et al., 2025). Além disso, infecções parasitárias também podem predispor os indivíduos a infecções secundárias (Chapman et al., 2005; Strait et al., 2012).

Solórzano-Garcia e de León (2018) realizaram um levantamento de parasitas que acometem primatas não humanos, com foco em protozoários, helmintos e ectoparasitas. Ao total, foram registrados 276 táxons de parasitas associados a 21 gêneros de primatas neotropicais, dos quais 42 também foram relatados em humanos. Para o gênero *Sapajus*, foram identificados 40 trabalhos ao total. No entanto, os autores mencionam a necessidade da realização de métodos mais precisos para identificação de parasitas em primatas, visto que, 32% do total dos registros disponíveis não permitiram a identificação a nível de espécie.

Diversos grupos de helmintos têm sido registrados em primatas não humanos, entretanto, estudos conduzidos em diferentes regiões do Brasil indicam que o conhecimento sobre a helmintofauna associada a primatas neotropicais ainda é fragmentado e baseado,

majoritariamente, em investigações pontuais e regionais. Esse cenário sugere que a diversidade desses parasitos permanece subestimada, reforçando a necessidade de novos estudos voltados à caracterização de sua distribuição geográfica e aos potenciais impactos sobre populações silvestres (Corrêa et al., 2016; Pereira et al., 2020). Nesse contexto, os nematoides filarídeos destacam-se como um dos grupos mais frequentemente descritos em primatas, embora ainda existam lacunas importantes quanto à sua diversidade, distribuição e relevância epidemiológica em ambientes neotropicais (Solórzano-García; de León, 2018).

2.3 Filarídeos: aspectos gerais

Os filarídeos pertencem à superfamília Filarioidea (Weinland, 1858), a qual inclui parasitos de tecidos e fluidos corporais de vertebrados, transmitidos por vetores artrópodes hematófagos. Tradicionalmente, essa superfamília compreende duas famílias, Filariidae (Cobbold, 1864) e Onchocercidae (Leiper, 1911); entretanto, a maioria dos gêneros de relevância médica e veterinária encontra-se atualmente alocada na família Onchocercidae (Anderson, 2000; Bain; Babayan, 2003). Morfologicamente, os filarídeos apresentam corpo cilíndrico, alongado e filiforme, recoberto por cutícula resistente. O dimorfismo sexual é evidente em muitas espécies, sendo as fêmeas geralmente mais longas que os machos, os quais apresentam a extremidade posterior curvada (Ajileye et al., 2015).

Possuem ciclo de vida indireto, exigindo hospedeiros artrópodes, que incluem principalmente insetos hematófagos como mosquitos da família Culicidae, amplamente reconhecidos na transmissão de diversas espécies filariais (Anderson, 2000; Lefoulon et al., 2015; Wilson et al., 2017). Outros invertebrados, como pulgas e moscas-pretas, também são descritos como vetores em diferentes ciclos de transmissão (Anderson, 2000; Wilson et al., 2017).

Estudos mais recentes também indicam a participação de carrapatos duros (Ixodidae) e moles (Argasidae) como potenciais vetores de nematoides filarídeos (Otrant et al., 2012; Bezerra-Santos et al., 2022). O estudo de Brianti et al. (2012), por exemplo, sugere que a espécie de carrapato *Rhipicephalus sanguineus* possa atuar como hospedeiro invertebrado competente para o filarídeo *Cercopithifilaria* sp. Além disso, outros gêneros da família Onchocercidae já foram reportados como possivelmente associados à transmissão por carrapatos, incluindo *Acanthocheilonema*, *Cherylia*, *Cruorifilaria*, *Monanema* e *Yatesia*. No entanto, ainda são escassos os estudos que elucidem de forma consistente o papel dos carrapatos na transmissão desses nematoides (Ajileye et al., 2025).

As microfilárias ingeridas pelos vetores artrópodes durante o repasto sanguíneo desenvolvem-se em seu interior, passando por diferentes estágios larvais: larvas de primeiro estágio (L1), larvas de segundo estágio (L2) e em larvas de terceiro estágio (L3), quando se tornam capazes de infectar hospedeiros vertebrados (Anderson, 2000). Os vertebrados, com exceção dos peixes, atuam como hospedeiros definitivos, permitindo que os filarídeos completem seu desenvolvimento somático e alcancem a maturidade sexual. Após a cópula, as fêmeas produzem ovos embrionados que eclodem ainda no interior do hospedeiro, e liberam microfilárias na corrente sanguínea ou nos tecidos, conforme a espécie (Anderson, 1992; Bain; Babaya, 2003; Taylor et al., 2010; Binetruy; Duron, 2023).

2.3.1 Família Onchocercidae (Leiper, 1911)

A família Onchocercidae compreende um grupo diversificado de nematoides heteróxenos, com ocorrência em diferentes regiões do mundo, reunindo cerca de 88 gêneros descritos cuja sistemática tem sido refinada por ferramentas moleculares (Lefoulon et al., 2015). Esses organismos infectam uma grande diversidade de hospedeiros vertebrados, com relevantes implicações em saúde humana e animal (Moraes et al., 2022; Ajileye et al., 2025). No Brasil, embora o inventário de Vicente et al. (1997) registre 26 gêneros e 91 espécies, estudos moleculares recentes em diferentes biomas brasileiros têm revelado uma diversidade taxonômica ainda subestimada e a presença de linhagens anteriormente desconhecidas em animais silvestres (Moraes et al., 2022; Santana et al., 2025).

Essa ampla ocorrência no país está relacionada às características climáticas tropicais, que favorecem a sobrevivência, a reprodução e a disseminação dos parasitos e de seus vetores (Dominguez, 2006; Alvares et al., 2013; Abbasi, 2025). Além disso, as constantes mudanças climáticas e a degradação ambiental têm contribuído para a expansão da distribuição das enfermidades filariais e dispersão de vetores como *Ochlerotatus* spp., *Culex* spp., *Anopheles* spp. e *Aedes* spp. (Gordon et al., 2016; Zhou et al., 2022).

Os parasitos adultos podem ser encontrados em vasos sanguíneos ou linfáticos, cavidades corporais, tecidos subcutâneos e em órgãos como coração e pulmões. Já as microfilárias, em geral, localizam-se no sangue ou nos tecidos subcutâneos (Anderson, 2000. Lefoulon et al., 2015). Embora a maioria das espécies dessa família seja geralmente apatogênica, quando há manifestações clínicas, estas são determinadas tanto pela localização dos helmintos adultos quanto pelas lesões provocadas pelas microfilárias (Magnis et al., 2013).

Primatas neotropicais são frequentemente infectados por filarídeos da família Onchocercidae, com destaque para os gêneros *Mansonella* e *Dipetalonema* (Laidoudi et al.,

2020). Dentre esses, o gênero *Mansonella* apresenta relevância para a saúde pública, sendo considerado um dos parasitos filariais mais prevalentes no mundo. Atualmente, são reconhecidas 13 espécies, sendo *M. perstans*, *M. ozzardi* e *M. streptocerca* as principais associadas a infecções humanas (Bain et al., 2015; Ta-Tang et al., 2018). Embora frequentemente assintomática, a mansonelose pode ocasionar manifestações clínicas como prurido, artralgia, linfadenopatia e desconforto abdominal (Brown, 2009; Simonsen, Onapa & Asio, 2011). Apesar de sua ampla distribuição geográfica, essa parasitose ainda é considerada uma doença negligenciada e pouco investigada (Ritter et al., 2025).

2.4 Filarídeos em primatas neotropicais: *Dipetalonema* spp. (Diesing, 1861)

2.4.1 Taxonomia e morfologia

O gênero *Dipetalonema*, anteriormente descrito como *Filaria* (Rudolphi, 1809; Molin, 1858) e *Acanthocheilonema* (Boulenger, 1920), pertence à família Onchocercidae e inclui seis espécies: *Dipetalonema gracile* (Rudolphi, 1809); *Dipetalonema caudispina* (Molin, 1858); *Dipetalonema graciliformis* (Freitas, 1943); *Dipetalonema robini* (Petit; Bain; Roussilhon, 1985); *Dipetalonema freitasi* (Bain; Diagne; Muller, 1987); e *Dipetalonema yatesi* (Notarnicola; Jimenez; Gardner, 2007). A morfologia da vagina verdadeira, os espículos, a área rugosa, a disposição da musculatura nos machos, além das microfilárias, distinguem essas 6 espécies (Petit et al., 1985; Bain; Diagne; Muller, 1987; Notarnicola; Jimenez; Gardner, 2007).

Parasitas adultos são grandes, filiformes e apresentam dimorfismo sexual evidente. Os machos são menores, medindo entre 78 e 131 mm de comprimento, enquanto as fêmeas podem medir de 130 até 330 mm. A menor espécie descrita é *D. robini*, enquanto a maior é *D. graciliformis*. Nas fêmeas, o formato da vagina é uma característica taxonômica importante. As espécies *D. caudispina*, *D. yatesi* e *D. freitasi* possuem um canal vaginal simples e reto, enquanto *D. graciliformis* e *D. gracile* apresentam vaginas sinuosas (Petit; Bain; Roussilhon, 1985; Bain; Diagne; Muller, 1987; Notarnicola; Jimenez; Gardner, 2007).

As microfilárias de *Dipetalonema* apresentam variações de tamanho e largura (Notarnicola et al, 2008). *D. gracile* apresenta microfilárias de corpo fusiforme, medindo entre 125 e 145 µm, com largura entre 2,5 e 3,3 µm, envolto em bainha com cauda arredondada e núcleos na extremidade (Bain; Petite; Roussilhon, 1986). Em *D. graciliformis* o comprimento varia de 93 e 115 µm, largura de 3,4 a 4 µm, com uma cauda arredondada apresentando núcleos (Bain; Petite; Roussilhon, 1986). Por outro lado, a microfilária de *D. caudispina* possui comprimento corporal variando de 183 a 188 µm, largura entre 3,5 e 4,5 µm, e apresenta uma cauda atenuada e anucleada na extremidade (Bain; Petite; Roussilhon, 1986). A microfilária de

D. freitasi mede entre 100 e 107 μm de comprimento, tem largura entre 3,5 e 4 μm , e sua cauda é atenuada, contendo núcleos na extremidade (Bain; Diagne; Muller, 1987). A microfilária de *D. yatesi* apresenta comprimento corporal entre 158 e 172 μm , largura variando de 4,8 a 7,1 μm , e uma cauda atenuada e anucleada na ponta (Notarnicola; Jiménez; Gardner, 2007), enquanto a de *D. robini* tem comprimento entre 150 e 186 μm , largura de 4 a 4,8 μm e cauda atenuada com extremidade anucleada (Petit; Bain; Roussilhon, 1985).

2.4.2 Hospedeiros vertebrados e artrópodes

Roedores, pinípedes e humanos já foram considerados hospedeiros vertebrados de espécies do gênero *Dipetalonema* (Eley, 1981; Notarnicola, Jiménez & Gardner, 2007). No entanto, revisões taxonômicas e estudos filogenéticos mais recentes reconheceram o gênero como associado exclusivamente a primatas. Análises filogenéticas indicam que *Dipetalonema* apresenta elevada especificidade de hospedeiro, sendo os primatas atualmente os únicos vertebrados reconhecidos como hospedeiros naturais desse gênero (Lefoulon et al., 2015).

Os Culicoides Latreille, 1809 (Diptera: Ceratopogonidae), popularmente conhecidos como maruins, representam os únicos vetores artrópodes conhecidos de *Dipetalonema* (Travi et al., 1985; Notarnicola; Jimenez; Gardner, 2007), contudo também transmitem outros importantes patógenos como *M. ozzardi* e o vírus do Oropouche (Ben-Chetrit; Schwartz, 2015; Romero-Alvarez; Escobar, 2017). São insetos hematófagos pequenos, medindo entre 1-3 mm de comprimento (Mathieu et al., 2012; Borkent; Dominiak, 2020).

São distribuídos mundialmente, desde os trópicos até as regiões subtropicais, tundra e temperadas (Elbers; Koenraadt; Meiswinkel, 2015). No Brasil, são reconhecidas mais de 100 espécies (Aparício; Castellón; Fonseca, 2011), das quais cerca de 40 ocorrem no estado do Maranhão (Barros et al., 2007; Rebêlo et al., 2016; Silva; Bandeira et al., 2016; Bandeira et al., 2017), incluindo *Culicoides aitkeni*, *Culicoides boliviensis*, *Culicoides fernandoi*, *Culicoides filarifer* e *Culicoides travassosi* (Costa et al., 2013). No território maranhense, as espécies de Culicoides circulantes apresentam comportamento alimentar generalista, alimentando-se de diferentes tipos de hospedeiros, incluindo seres humanos, animais silvestres e domésticos (Gusmão et al., 2014). Essa característica confere a esses vetores um papel ecológico relevante, ao favorecer a circulação de patógenos entre o ambiente silvestre e urbano (Kasičová et al., 2021).

As larvas de Culicoides desenvolvem-se principalmente em ambientes úmidos e ricos em matéria orgânica de origem animal e vegetal, incluindo margens de lagoas e nascentes, cavidades naturais como buracos de árvores, esterco animal, bebedouros de animais e pastagens

encharcadas (Mellor et al., 2000; Borkent & Grogan, 2009; Bakhoum et al., 2016). A presença desses fatores determina a abundância e a distribuição das larvas e, conseqüentemente, das populações adultas de vetores (Neupane et al., 2025).

Culicoides adultos podem ocupar diferentes estratos ambientais, o que influencia diretamente as interações com os animais hospedeiros e a dinâmica de transmissão de patógenos veiculados por vetores. Estudos demonstram que esses insetos exploram tanto o nível do solo quanto apresentam elevada abundância no dossel das árvores, ampliando as oportunidades de contato tanto com hospedeiros vertebrados de hábitos terrestres quanto arborícolas (McGregor et al., 2018; Bernotienė et al., 2024).

2.4.3 Ciclo biológico

O ciclo de *Dipetalonema* spp. inclui um hospedeiro vertebrado (primata) e um hospedeiro artrópode (culicoides). Os vetores desenvolvem as larvas em diferentes estágios (L1, L2 e L3), sendo esta última transmitida para o hospedeiro vertebrado durante o repasto sanguíneo. As microfilárias de primeiro estágio (L1), quando ingeridas pelo vetor artrópode, migram inicialmente para o intestino, onde aumentam de tamanho e começam a desenvolver estruturas como o anel nervoso e o esôfago. Dentro do vetor, essas microfilárias evoluem progressivamente. No estágio seguinte, as larvas de segundo estágio (L2) apresentam crescimento rápido, com aumento do diâmetro corporal. O esôfago se divide em uma porção muscular e outra glandular enquanto o intestino se alonga. Posteriormente, ocorre o desenvolvimento da larva de terceiro estágio (L3), que representa a forma infectante para os primatas. As larvas L3 são maiores, possuem esôfago alongado, que ocupa grande parte da extensão corporal, além de um reto alongado (Eberhard; Lowrie; Orihel, 1979).

O vetor, ao realizar o repasto sanguíneo em primatas, transmite a larva de terceiro estágio (L3), que penetra no hospedeiro definitivo e se desenvolve até a fase adulta. Os helmintos adultos parasitam principalmente a cavidade peritoneal dos primatas. O período pré-patente de infecções por *D. gracile* é relativamente longo quando comparado ao de outras filarioses, como as causadas por *Brugia* spp, sendo estimado em aproximadamente 9 a 10 meses, e sugere-se que valores semelhantes também se apliquem a *D. graciliformis* e *D. caudispina*. O pico de microfilaremia ocorre entre a 13^a e a 18^a semana após a infecção (Travi; Eberhard; Lowrie, 1985) (Figura 1).

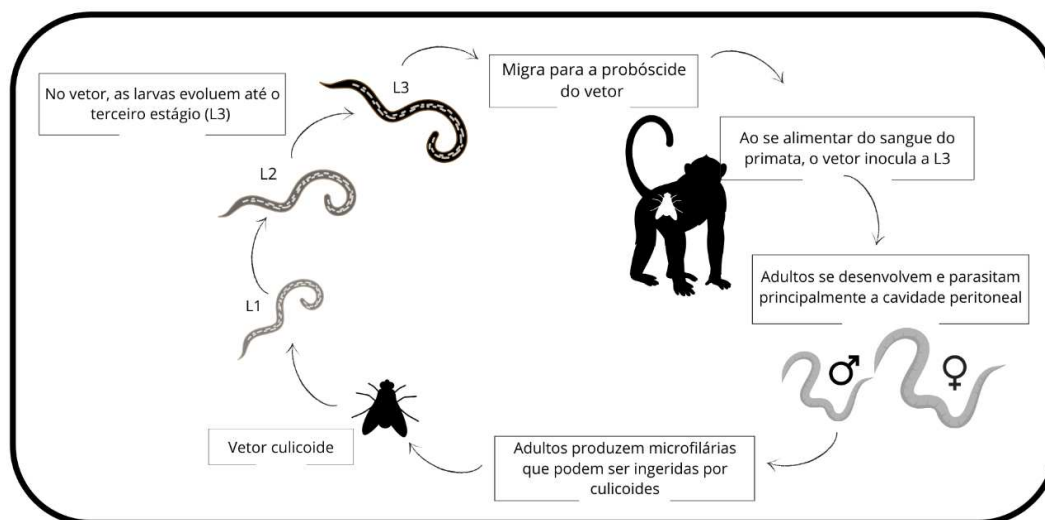


Figura 1- Ilustração de ciclo de *Dipetalonema* spp.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor

2.4.4 Sinais clínicos

O parasito *Dipetalonema* constitui importante causa de sinais clínicos graves e óbito em primatas neotropicais, a depender da imunidade e da presença de outros patógenos associados (Corrêa et al., 2016; Bueno et al., 2017). Em primatas *Sapajus* já foram relatados casos graves de infecções por *Dipetalonema*, incluindo espécies ameaçadas de extinção. O estudo de Pereira et al (2023) por exemplo, descreveu um caso de infecção aguda em um primata da espécie *S. nigritus* no Rio Grande do Sul. O animal veio a óbito devido a gravidade dos sinais clínicos, que incluíram movimentos involuntários da cabeça, estado semi-comatoso, hipertermia (38,7°C) e hipovolemia. Na necropsia, foram encontrados diversos parasitas adultos na cavidade peritoneal e diversas alterações associadas ao parasitismo como peritonite, pneumonia, bronquiolite, danos hepáticos, microgliose cerebral e neuronofagia.

O estudo de Ramalho et al (2023), no estado da Paraíba, também relatou um óbito associado a infecção por *D. gracile* em *S. flavius*, uma espécie de primata em risco de extinção (IUCN, 2024). O animal apresentou diversas alterações em necropsia como finas camadas de fibrina e aderências fibrosas no mesentério e na cápsula do baço e linfonodos mesentéricos, mandibulares e traqueobrônquicos aumentados. Além disso, vários pequenos nódulos foram vistos no parênquima do baço. O exame microscópico dos linfonodos e baço revelou reação inflamatória grave e difusa, com edema, células plasmáticas, eosinófilos, histiócitos, linfócitos e raras células gigantes multinucleares, com obliteração da arquitetura histológica normal do

órgão. Apesar da evidente importância, estudos de parasitismo em primatas são escassos (Lignon et al., 2024).

2.4.5 Epidemiologia

O parasito tem sido relatado em diferentes espécies de primatas neotropicais em diversos países. O maior número de registros na literatura refere-se a *D. gracile*, com ocorrência documentada no Brasil, México, Equador, Bolívia, Peru, Venezuela e Guiana (Bain et al., 1986; Lamothe-Argumedo et al., 1997; Notarnicola et al., 2008; Muniz-Pereira et al., 2009; Lefoulon et al., 2015). A espécie *D. graciliformis* foi identificada na Guiana Francesa e no Brasil (Pinto et al., 2011; Laidoudi et al., 2021). O parasito *D. caudispina* apresenta distribuição reconhecida no Brasil (Pinto et al., 2011) e na Guiana (dados não publicados). O filarídeo *D. robini* foi registrada na Guiana, Peru e na Argentina (Petit et al., 1985; Lefoulon et al., 2015; Vanderhoeven et al., 2017), enquanto *D. yatesi* ocorre na Bolívia e no Peru (Notarnicola et al., 2007; Zárate-Rendón et al., 2022). *D. freitasi* apresenta registros no Reino Unido, Peru e China (Bain, Diagne; Muller, 1987; Conga et al., 2019; Hong et al., 2025). Contudo, essa distribuição precisa ainda é incipiente em muitas espécies, pois a maioria dos estudos é realizado oportunamente com primatas de cativeiro ou de doações de necropsia (Conga et al., 2018) Na tabela abaixo encontram-se os principais registros antigos e atuais de *Dipetalonema* em mais de 20 espécies de primatas (Tabela 1).

Tabela 1- Registros de nematódeos filarídeos do gênero *Dipetalonema*, hospedeiros primatas, localidades e referências

Nematóide filarídeo	Hospedeiro primata	Localização	Referência
<i>Dipetalonema gracile</i>	<i>Ateles paniscus</i>	Amazonas, Minas Gerais, Goiás, Pará e São Paulo (Brasil)	Freitas (1964)
	<i>Cebus capucinus</i>	Amazonas, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Pará e São Paulo (Brasil)	Freitas (1964)
	<i>Lagothrix lagotricha</i>	Amazonas, Goiás, Minas Gerais, Pará e São Paulo (Brasil)	Freitas (1964)

<i>Saimiri sciureus</i>	Amazonas, Goiás, Minas Gerais, Pará, Rio de Janeiro, São Paulo (Brasil)	Freitas (1964)
<i>Saimiri sciureus</i>	Guiana	Bain et al (1986)
<i>Ateles paniscus e Saimiri sciureus</i>	Amazonas, Minas Gerais, Goiás, Pará, São Paulo (Brasil)	Vicente et al. (1997)
<i>Cebus olivaceus</i>	Rio Orinoco, Venezuela	Lamothe-Argumedo et al. (1997)
<i>Ateles geoffroyi</i>	Campeche, México	Lamothe - Argumedo et al. (1997)
<i>Cebus apella</i>	Mato Grosso do Sul e Pará (Brasil)	Noronha et al. (2002)
<i>Saimiri sciureus</i>	Quito, Equador	Notarnicola et al. (2008)
<i>Lagothrix lagotricha</i>	Amazonas, Goiás, Minas Gerais, Pará, São Paulo (Brasil)	Muniz-Pereira et al. (2009)
<i>Cebus apella</i>	Peru	Lefoulon et al. (2015)
<i>Ateles sp.</i>	Guiana	Lefoulon et al. (2015)
<i>Pithecia monachus</i>	Loreto, Peru	Conga et al. (2019)
<i>Sapajus flavius</i>	Paraíba, Brasil	Ramalho et al. (2022)
<i>Alouatta guariba clamitans</i>	Rio Grande do Sul, Brasil	Lopes et al. (2022)
<i>Saguinus bicolor</i>	Amazonas, Brasil	Costa et al. (2023)

<i>Dipetalonema graciliformis</i>	<i>Saguinus bicolor</i>	Amazonas, Brasil	Dias <i>et al.</i> (2023)
	<i>Alouatta clamitans</i> e <i>Sapajus nigritus</i>	Rio Grande do Sul, Brasil	Ehlers <i>et al.</i> (2023)
	<i>Saimiri sciureus</i> e <i>Saguinus niger</i>	Pará, Brasil	Conga <i>et al.</i> (2023)
	<i>Saguinus midas</i>	Guiana Francesa	Freitas <i>et al.</i> (1943)
	<i>Saguinus mystax</i>	Amazonas, Brasil	Gonçalves <i>et al.</i> (2002)
	<i>Saguinus midas</i> e <i>Saguinus niger</i>	Pará, Brasil	Pinto <i>et al.</i> (2011)
	<i>Saguinus mystax</i>	Amazonas, Brasil	Pinto <i>et al.</i> (2011)
	<i>Saguinus midas</i>	Guiana Francesa	Laidoudi <i>et al.</i> (2021)
	<i>Saguinus bicolor</i>	Rio Grande do Sul, Brasil	Lignon <i>et al.</i> (2024)
<i>Dipetalonema caudispina</i>	<i>Alouatta guariba</i> e <i>Saimirib sciureus</i>	Amazonas, Brasil	Molin (1858)
	<i>Alouatta guariba</i> e <i>Brachyteles</i> <i>arachnoides</i>	São Paulo, Brasil	Molin (1858)
	<i>Ateles paniscus</i> e <i>Leontopithecus</i> <i>rosalia</i>	Pará, Brasil	Freitas (1943)
	<i>Ateles paniscus</i>	Pará, Brasil	Vicente <i>et al.</i> , 1997
	<i>Leontopithecus</i> <i>rosalia</i>	Pará, Brasil	Notarnicola <i>et al.</i> , (2008)
	<i>Brachyteles</i> <i>arachnoides</i>	Rio de Janeiro e São Paulo (Brasil)	Muniz-Pereira <i>et</i> <i>al.</i> (2009)
	<i>Brachyteles</i> <i>arachnoides</i>	Rio de Janeiro e São Paulo (Brasil)	Pinto <i>et al.</i> (2011)

<i>Dipetalonema robini</i>	<i>Saimiri sciureus</i>	Guiana	Petit <i>et al.</i> (1985)
	<i>Lagothrix poeppigii</i>	Peru	Lefoulon <i>et al.</i> (2015)
	<i>Sapajus nigritus</i>	Argentina	Vanderhoeven <i>et al.</i> (2017)
<i>Dipetalonema yatesi</i>	<i>Ateles chamek</i>	Bolívia	Notarnicola <i>et al.</i> (2007)
	<i>Ateles chamek</i>	Amazônia peruana	Zárate-Rendón <i>et al.</i> (2022)
<i>Dipetalonema freitasi</i>	<i>Cebus capucinus</i>	Reino Unido	Bain, Diagne; Muller (1987)
	<i>Cacajao ucayalii</i>	Loreto, Peru	Conga <i>et al.</i> (2019)
	<i>Saimiri sciureus</i>	China	Hong <i>et al.</i> (2025)

Fonte: próprio autor

2.5 Diagnóstico de filarídeos

Os métodos mais utilizados para o diagnóstico baseiam-se na visualização de microfilárias no sangue periférico, principalmente devido à sua praticidade e ao baixo custo. Entre eles, a técnica da gota espessa é uma das mais difundidas, por ser simples de executar e de baixo custo. No entanto, apresenta baixa sensibilidade, que pode resultar em falsos negativos em casos de baixa parasitemia (Witt; Ottesen, 2001). Outra técnica amplamente empregada é o método de Knott modificado, que permite visualizar, quantificar e avaliar as características morfológicas das microfilárias com maior precisão (Magnis *et al.*, 2013). Apesar disso, tal método também apresenta limitações, pois exige um profissional treinado e capaz de diferenciar corretamente as características morfológicas, principalmente em casos de coinfeções. Por outro lado, as técnicas moleculares são essenciais para sanar essas dificuldades (Latrofa *et al.*, 2012; Moraes *et al.*, 2017; De Andrade Vieira *et al.*, 2022).

O diagnóstico também pode ser realizado por meio da análise morfológica de indivíduos adultos. No caso de estudos envolvendo primatas, grande parte das detecções de filarídeos baseia-se na identificação morfológica de adultos recuperados em necropsias, principalmente

de animais provenientes de cativeiro (Ramalho et al., 2022; Dias et al., 2023; Ehlers et al., 2023, Pereira et al., 2023).

A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) é uma ferramenta de diagnóstico molecular amplamente utilizada para diagnóstico de filarídeos (Otranto et al., 2011; Santana et al., 2025), fornecendo um diagnóstico com maior sensibilidade e especificidade em comparação com os métodos microscópicos (Mccall et al., 2008), pois permite maior clareza na identificação de espécies e linhagens além de ser capaz de detectar com maior precisão mesmo em casos de baixa carga parasitária (Lefoulon et al., 2015; Lefoulon et al., 2017).

Para estudos moleculares, diversos marcadores genéticos têm sido utilizados para diferenciação de táxons, descoberta de novas espécies, além de fornecer esclarecimento sobre relações entre grupos de organismos. Dentre os marcadores, o DNA mitocondrial (mtDNA) é essencial para resolver níveis taxonômicos inferiores para organismos. Uma das vantagens da utilização do mtDNA em comparação com DNA nuclear, é a facilidade de detectar DNA mesmo em amostras de qualidade inferior ou degradadas, devido a grande quantidade de cópias de DNA por célula (Parson et al., 2004; Girish et al., 2004). Entretanto, embora seja um gene considerado vantajoso, para uma identificação mais precisa de espécies convém-se utilizar genes mitocondriais associados a nucleares (Blaxter, 2016).

Dentre os genes mtDNA são incluídos os codificadores de proteínas da subunidade I do citocromo c oxidase (COI/cox1), genes da subunidade 1 da NADH desidrogenase (NAD1) e os genes do RNA ribossômico (rRNA). Destes, o cox1 tem sido relatado como um dos melhores para análises filogenéticas, capaz de discriminar espécies intimamente relacionadas de vertebrados e invertebrados (Hebert et al., 2003; Lin; Stur; Ekrem, 2015). Além disso, tem sido amplamente utilizado como marcador para identificação de espécies conhecidas e novas, para inferir relações de estágios de vida da mesma espécie, auxiliar na genética da conservação da vida selvagem (Trivedi et al., 2016; Strüder-Kypke; Lynn, 2010), bem como, estudar estruturas genéticas de parasitas (Blasco-Costa et al., 2016; Papaiakovou et al., 2022). O gene 12S é considerado eficaz em análises filogenéticas por apresentarem taxas de evolução mais lentas, sendo amplamente utilizados em estudos sistemáticos de Nematoda, incluindo membros da família Onchocercidae (Li et al., 2010; Yang et al., 2014).

Por outro lado, genes nucleares como 18S rRNA também são amplamente utilizados em filogenia, atuando com melhor resolução na identificação de táxons de nível superior como gêneros, ordem e família, pois são genes conservados em todos os eucariotos (Avramenko et al., 2017; Astensvold, 2019; Mann et al., 2020).

3. OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

- Investigar a ocorrência e a diversidade de filarídeos em primatas *Sapajus apella* provenientes da Região Imediata de Bacabal, Maranhão.

3.2 Objetivos específicos

- Detectar a presença de filarídeos em amostras de sangue de primatas *Sapajus apella*;
- Caracterizar morfológicamente as microfilárias observadas;
- Identificar geneticamente as espécies ou linhagens de filarídeos presentes nas amostras analisadas.

4. Material e Métodos

4.1 Aspectos éticos e legais

Este estudo possui certificado de autorização do uso de animais de vida livre de nº 036-2024-A pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Universidade Federal de Rondônia (CEUA-UNIR) e aprovação do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade-ICMBio sob protocolo de nº 93995.

4.2 Local do estudo

As coletas foram realizadas no município de Lago da Pedra, que está localizado no Oeste Maranhense e inserido na Região Geográfica Imediata de Bacabal do Estado do Maranhão (Latitude: -4.33333, Longitude: -45.16674°) (Figura 2). Essa região é composta por 16 municípios: Alto Alegre do Maranhão, Altamira do Maranhão, Bacabal, Bom Lugar, Brejo de Areia, Conceição do Lago-Açu, Lago da Pedra, Lago Grande do Maranhão, Lago Verde, Marajá do Sena, Olho d'Água das Cunhãs, Paulo Ramos, Satubinha, São Luís Gonzaga do Maranhão, São Mateus do Maranhão e Vitorino Freire (IBGE, 2017).

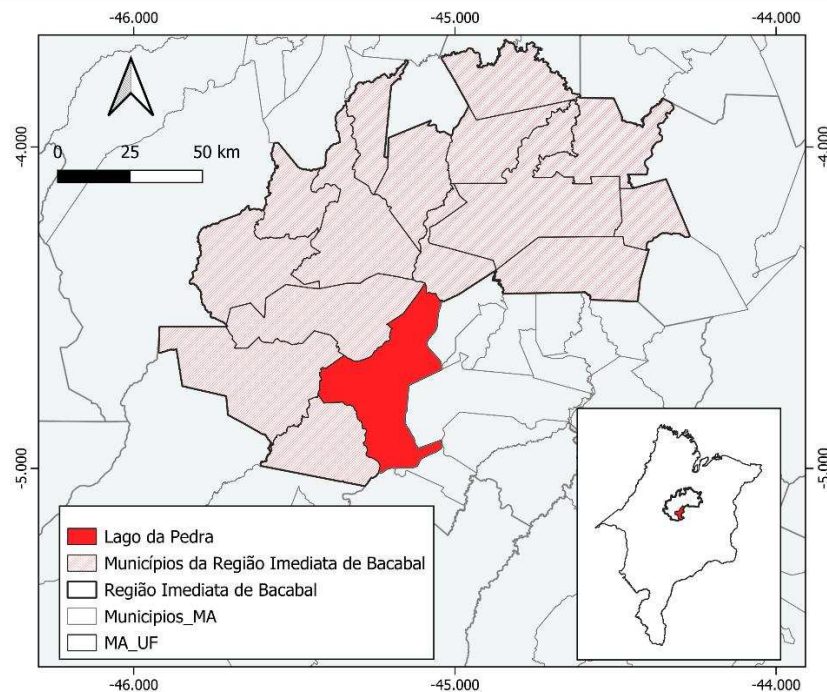


Figura 2- Mapa de localização do município de Lago da Pedra, Maranhão

Fonte: Pereira, 2025

Lago da Pedra está localizado sob as coordenadas 19' 60" S; 45° 10' 0"W, abrange uma área total de 1.240,444 km² e está incluso dentro da área da Amazônia Legal (IBGE, 2022). Está inserido predominantemente no bioma cerrado e apresenta clima tropical (IBGE, 2024). Possui duas estações bem definidas: chuvosa, que vai de dezembro a maio, e estação seca, correspondente aos meses de junho a novembro (Correia, 2011). A área de estudo é habitada por comunidades rurais que dependem da agricultura e pecuária. Próximo as áreas de captura há áreas antropizadas, incluindo trechos de vegetação suprimida para implantação de roças e áreas com acúmulo de matéria orgânica, incluindo esterco.

4.3 Captura de primatas

A amostragem foi do tipo não probabilística por conveniência. Foram incluídos no estudo indivíduos clinicamente aptos ao manejo no momento da captura, que permitiram a coleta de amostras biológicas em quantidade e qualidade adequadas para as análises de filarídeos. Foram excluídos indivíduos com sinais de debilidade severa, ferimentos ou estresse excessivo, fêmeas em estágio avançado de gestação ou com filhotes dependentes, indivíduos recapturados, assim como aqueles nos quais não foi possível realizar a coleta de amostras biológicas em condições adequadas.

Os animais foram capturados utilizando quatro armadilhas do tipo *Tomahawk* (70 × 35 × 40 cm), acionadas por pedal e posicionadas a nível do solo, com uma distância mínima de cinco metros entre elas. As atividades de campo ocorreram em cinco meses diferentes (julho, setembro, outubro e novembro de 2024 e janeiro de 2025), com duração média de oito dias por campanha de campo. No mês de julho foi realizada a ambientação, etapa na qual as armadilhas foram dispostas desarmadas no ambiente para que os animais se habituassem à sua presença. Essa preparação teve como objetivo facilitar as capturas realizadas nos meses subsequentes, quando as armadilhas passaram a ser efetivamente acionadas. As armadilhas foram colocadas estrategicamente próximas a palmeiras de coco anajá. Para atrair os animais, foram colocadas no fundo das armadilhas diferentes iscas, incluindo casca de abacaxi e frutas como manga, coco anajá e banana.

O período de ambientação teve duração aproximada de dois meses (julho a setembro). Durante esse intervalo, as iscas foram renovadas a cada dois dias. Os animais foram monitorados por meio de uma câmera de visão noturna posicionada estrategicamente nas proximidades das armadilhas, com o objetivo de registrar sua aproximação e confirmar se estavam entrando nas gaiolas.

Após o período de ambientação, as armadilhas foram acionadas nos meses de setembro, outubro, novembro e janeiro para efetuar a captura dos animais. Para aumentar a eficiência do processo, algumas adaptações foram feitas nas gaiolas, incluindo a instalação de telas laterais, de modo a impedir que os animais alcançassem as iscas pelas laterais.

Os animais capturados foram transferidos para uma gaiola de contenção equipada com parede móvel, onde receberam sedação por meio da administração intramuscular de cloridrato de zolazepam, na dose de 2 mg/kg (Figura 3). Após a sedação, cada indivíduo foi submetido a uma avaliação completa, que incluiu pesagem e exame clínico geral, considerando parâmetros como coloração das mucosas, inspeção de linfonodos, nível de alerta e comportamento.



Figura 3- Sedação de primata em gaiola de contenção utilizando o anestésico cloridrato de zolazepam.

Fonte: próprio autor

Foram obtidas medidas biométricas, como comprimento do corpo e da cauda, e registradas fotografias faciais e corporais, as quais auxiliaram no processo de identificação individual (Figura 4). A identificação taxonômica foi realizada com base nas características descritas por Silva Júnior (2001). Após completa recuperação dos efeitos sedativos, os animais foram liberados no mesmo local de captura.



Figura 4- Medições biométricas de primatas. A. Comprimento corporal. B. Comprimento da cauda.

Fonte: próprio autor

4.4 Obtenção de amostras

Foram coletadas amostras de sangue de cada animal capturado por meio de punção da veia jugular ou femoral, utilizando agulhas de $13 \times 4,5$ mm acopladas a seringas de 1 ou 3 mL. Parte do sangue obtido foi utilizada para a confecção de esfregaços sanguíneos em duplicata, enquanto outra fração foi transferida para tubos contendo o anticoagulante ácido etilenodiamino tetra-acético (EDTA), destinados às análises moleculares. Adicionalmente, três gotas de sangue foram depositadas em meio LIT (Liver Infusion Tryptose) acrescido de soro bovino, como parte de um projeto paralelo voltado à detecção de *Trypanosoma cruzi*.

Todas as amostras sanguíneas foram devidamente identificadas e imediatamente refrigeradas em caixa isotérmica, e encaminhadas ao Laboratório de Parasitologia e Doenças Parasitárias da Universidade Estadual do Maranhão, no Brasil, onde foi realizada a extração molecular. Em seguida, o DNA obtido foi enviado ao Departamento de Ecoepidemiologia de Doenças Parasitárias do Instituto de Biologia do Desenvolvimento e Ciências Biomédicas da Universidade de Varsóvia, na Polônia, para a realização das Reações em Cadeia da Polimerase (PCR) e das análises filogenéticas.

4.5 Processamento das amostras

4.5.1 Esfregaço sanguíneo

Do sangue coletado foi utilizado uma gota para a confecção dos esfregaços sanguíneos em duplicata, por amostra, em camada delgada, realizados no momento da coleta. As lâminas de esfregaços, foram levadas ao laboratório de parasitologia veterinária, da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) e foram fixadas com metanol (por 1 minuto), corados pelo método panótico e analisados no microscópio óptico no aumento de 40 X e 100X, utilizando

40

óleo de imersão. As lâminas de esfregaço foram percorridas por completo para detecção de microfilárias.

4.5.2 Extração de DNA

A extração do DNA genômico foi realizada a partir das amostras de sangue utilizando o kit comercial QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN®, Alemanha), conforme as recomendações do fabricante. O DNA total foi eluído em 60 µL de tampão de eluição e armazenado em -20 °C para posterior realização de procedimentos. A concentração e a pureza do DNA extraído foram determinadas por espectrofotometria, com leitura das absorbâncias nos comprimentos de onda de 260 e 280 nm.

4.5.3 Diagnóstico molecular

As amostras de DNA foram submetidas à Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), de acordo com a metodologia descrita por Casiraghi et al. (2001), utilizando os primers COIntF (5'-TGATTGGTGGTTTTGGTAA-3') e COIntR (5'-ATAAGTACGAGTATCAATATC-3') (Tabela 2). A reação foi preparada em um volume final de 20 µL, contendo 14 µL de água ultrapura, 2 µL de tampão 10X (buffer), 1 µL de cada primer, 0,2 µL de dNTP, 0,2 µL de Taq DNA polimerase e 2 µL de DNA. O protocolo de PCR foi conduzido com uma desnaturação inicial a 94 °C por 2 minutos, seguida por oito ciclos compostos de 94 °C por 45 s, anelamento inicial a 51 °C por 45 s com redução de 1 °C a cada dois ciclos, e extensão a 72 °C por 1,5 min. Em seguida, 25 ciclos a 94 °C por 45 s, 45 °C por 45 s e 72 °C por 1,5 min, finalizando com uma etapa de extensão a 72 °C por 7 minutos.

Foram utilizados os pares de primers Nem_18S_F (5'-CGCGAATRGCTCATTACAACAGC-3') e Nem_18S_R (5'-GGGCGGTATCTCGCC-3') para amplificação do gene 18S rRNA, seguindo as condições descritas por Floyd et al. (2005). As reações de PCR foram realizadas em volume final de 25 µL, contendo 0,5 µL de cada primer, 9 µL de Taq DNA polimerase, 2 µL de DNA e água ultrapura para completar o volume. O protocolo de ciclagem consistiu em uma desnaturação inicial a 95 °C por 2 minutos, seguida de 35 ciclos de 95 °C por 30 s, 54 °C por 30 s e 72 °C por 1 minuto, com extensão final a 72 °C por 5 minutos.

A região do gene 12S rRNA foi amplificada utilizando os primers 12SF (5'-GTTCCAGAATAATCGGCTA-3') e 12SR (5'-ATTGACGGATGRTTTGTACC-3'), conforme Casiraghi et al. (2004). As reações também foram conduzidas em volume final de 25 µL, contendo 0,5 µL de cada primer, 9 µL de Taq DNA polimerase, 2 µL de DNA molde e água

ultrapura para completar o volume. As condições de amplificação incluíram desnaturação inicial a 95 °C por 2 minutos, seguida de 40 ciclos de 95 °C por 40 s, 50 °C por 45 s e 72 °C por 90 s, com extensão final a 72 °C por 5 minutos.

O DNA de *Dirofilaria repens*, proveniente de uma amostra de cão da Grécia, foi utilizado como controle positivo nos ensaios de PCR. Todos os produtos amplificados foram visualizados em gel de agarose a 1,5% sob transiluminação UV.

Tabela 2- Genes alvos, sequências de nucleotídeos, tamanhos de pares de bases e referência dos primers utilizados

Genes	Sequências de oligonucleotídeos (5'-3')	Pares de bases	Referências
cox1	5'-TGA TTG GTG GTT TTG GTAA-3	649 bp	Casiraghi et al. (2001)
	5'-ATA AGT ACG AGT ATC AAT ATC-3'		
18S	5'CGCGAATRGCTCATTACAACAGC-3' e 5'-GGGCGGTATCTCGCC-3'	900 bp	Floyd et al. (2005)
12S	5'-GTTCCAGAATAATCGGCTA-3' 5'-ATTGACGGATGRTTTGTACC-3'	450 bp	Casiraghi et al. (2004)

Fonte: próprio autor

Os amplicons de tamanho esperado para o gene cox1 foram enviadas para a empresa Genomed- Poland para realização de purificação e sequenciamento Sanger. Os fragmentos de tamanho esperado para os genes 18S e 12S foram encaminhados para empresa Biotecnologia Pesquisa e Inovação (BPI) para realização de purificação e sequenciamento Sanger (Tabela 3).

Tabela 3- Código de identificação, origem, tipo de amostra e região genética amplificada

Amostra	Origem / Tipo de material	Alvo amplificado
1	Primata - Sangue	Cox1, 18 S e 12 S
4	Primata - Sangue	Cox 1, 18 S e 12 S
5	Primata - Sangue	Cox 1, 18 S e 12 S
9	Primata - Sangue	Cox 1, 18 S e 12 S
12	Primata - Sangue	Cox 1, 18 S e 12 S
13	Primata - Sangue	Cox 1, 18 S e 12 S

Fonte: próprio autor

As sequências obtidas para o gene *cox1* foram inicialmente avaliadas quanto à qualidade e, posteriormente, alinhadas e editadas para a construção de uma sequência consenso, utilizando o programa SeqMan (DNASTAR Lasergene v.9.1). Em seguida, as sequências consensuais foram comparadas com aquelas depositadas no banco de dados GenBank por meio da ferramenta BLAST (NCBI), visando à identificação das sequências mais similares. Para o gene *cox1*, as sequências selecionadas com base nos resultados do BLAST foram utilizadas nas inferências filogenéticas. O conjunto de dados final foi composto por 38 sequências, incluindo *Thelazia callipaeda* como grupo externo. O alinhamento das sequências foi realizado no software MEGA v.12 (Kumar et al., 2024), utilizando o algoritmo MUSCLE.

4.5.4 Análises filogenéticas

A inferência filogenética foi conduzida no MEGA v.12 pelo método de Máxima Verossimilhança. O modelo de substituição de nucleotídeos mais adequado foi selecionado com base no critério de informação de Akaike (AIC). A árvore filogenética representativa para o gene *cox1* foi construída utilizando o modelo de Tamura Nei (1993), com taxa de variação entre sítios modelada por uma distribuição Gama (+G) e inclusão de sítios invariantes (+I). A confiabilidade dos agrupamentos foi avaliada por meio de análise de bootstrap com 1.000 repetições.

5. RESULTADOS

Ao todo, foram capturados 14 primatas da espécie *S. apella*. A câmera com sensor de movimento instalada no local registrou a presença dos animais tanto nas proximidades quanto no interior das gaiolas, onde se alimentaram de todas as frutas oferecidas, com preferência pelo coco anajá (*Attalea maripa*). As imagens também permitiram identificar que os principais horários de atividade dos primatas nas áreas de captura ocorreram entre 5h e 8h da manhã (Figura 5).



Figura 5- Imagem registrada por câmera de monitoramento noturno em outubro de 2024, exibindo primatas nas proximidades de uma armadilha *Tomahawk*, no município de Lago da Pedra, Maranhão

Fonte: próprio autor

Do total de primatas capturados, 64,3% (9/14) eram machos e 35,7% (5/14) fêmeas. Em relação à faixa etária, houve predominância de indivíduos adultos, representando 71,4% (10/14) do total. As medidas morfométricas dos primatas apresentaram as seguintes variações: o comprimento do corpo variou entre 21 a 36 cm e o comprimento da cauda entre 33 e 41 cm. O peso dos machos variou entre 1,3 e 4,6 kg, enquanto o das fêmeas variou entre 2,32 e 2,7 kg. (Tabela 4). Os animais avaliados apresentavam-se clinicamente saudáveis, sem alterações aparentes nas mucosas e sem presença de linfonodos reativos à palpação.

Tabela 4- Informações dos primatas *Sapajus apella* capturados em Lago da Pedra, Maranhão, incluindo sexo, faixa etária, peso, medidas corporais e horário de captura

Animais	Sexo	Faixa etária	Peso (kg)	C. corpo	C. cauda	Horário
1	Macho	Adulto	4,6	36 cm	40 cm	9:00
2	Fêmea	Adulto	2,4	29 cm	36 cm	8:00
3	Macho	Jovem	1,5	22 cm	33 cm	18:30
4	Fêmea	Adulto	2,7	29 cm	38 cm	18:30
5	Fêmea	Adulto	3,5	31 cm	38 cm	7:05
6	Macho	Adulto	1,6	28 cm	37 cm	10:53
7	Macho	Adulto	1,6	25 cm	40 cm	11:09
8	Macho	Adulto	1,7	27 cm	41 cm	17:45

9	Macho	Adulto	3	27 cm	38 cm	16:54
10	Macho	Jovem	1,6	27 cm	41 cm	16:57
11	Macho	Jovem	1,5	21 cm	34 cm	16:11
12	Fêmea	Adulto	2,3	29 cm	39 cm	18:09
13	Fêmea	Adulto	2,4	29 cm	37 cm	17:10
14	Macho	Jovem	1,3	21 cm	33 cm	17:20

C. = comprimento. **Fonte:** próprio autor

Na análise microscópica das amostras, três lâminas provenientes de animais distintos foram consideradas positivas (21,43%; 4, 5 e 12), nas quais foram observadas microfilárias com corpo filiforme, extremidade anterior discretamente mais espessa e extremidade posterior afilada (Figura 6).



Figura 6- Microfilária observada em esfregaço sanguíneo de Amostra 4 de *Sapajus apella*, proveniente do município de Lago da Pedra, Maranhão

Fonte: próprio autor

Durante o processamento das amostras biológicas, inicialmente destinadas a um experimento paralelo de investigação por meio de inoculação em meio de cultura LIT, foi observada a presença de microfilárias viáveis no material proveniente de animais positivos. Essas microfilárias permaneceram detectáveis no meio de cultura por determinado período, sendo possível acompanhar sua sobrevivência ao longo do tempo. Trata-se de uma observação de caráter descritivo, que não integrou o delineamento experimental originalmente proposto.

Com base na avaliação das culturas em meio LIT, foi detectada a presença de microfilárias vivas, com movimento ativo, na amostra 4 durante um período de 12 dias (Figura 7). As microfilárias observadas apresentavam corpo com extremidade anterior arredondada.



Figura 7- Microfilária observada em meio de cultura LIT da amostra 4 de *Sapajus apella*, proveniente do município de Lago da Pedra, Maranhão.

Fonte: Próprio autor

De acordo com o resultado da extração de DNA das amostras, a concentração de DNA obtida variou entre 27 e 119 ng/μL (Tabela 5).

Tabela 5- Concentração de DNA de amostras sanguíneas de *Sapajus apella*

Amostras	Concentração de DNA (ng/ul)
1	119 ng/μL
2	61 ng/μl
3	55 ng/μL
4	88 ng/μL
5	110 ng/μL
6	82 ng/μL
7	85 ng/μL
8	27 ng/μL
9	31 ng/μL
10	37 ng/μL
11	44 ng/μL
12	40 ng/μL
P13	88 ng/μL
P14	64 ng/μL

Fonte: próprio autor

A reação de PCR direcionada ao gene mitocondrial *cox1* resultou na amplificação de seis (42,85%) das 14 amostras analisadas. Bandas compatíveis com o tamanho esperado do

amplicon (≈ 649 bp) foram observadas nas amostras 1, 4, 5, 9, 12 e 13 (Figura 8). Dentre as amostras positivas, 66,7% eram fêmeas e 33,3 % eram machos.

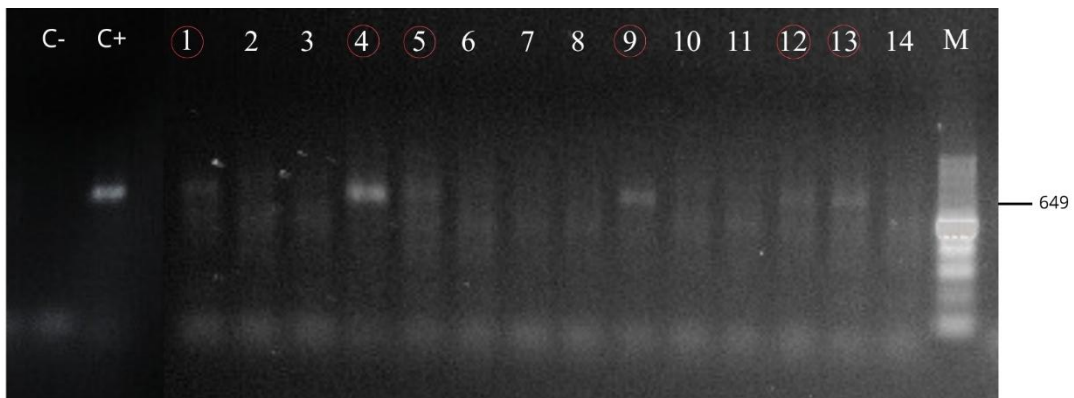


Figura 8-Amplificação por PCR do gene mitocondrial *cox1* (~ 649 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de *Sapajus apella* coletadas em Lago da Pedra, Maranhão

Amostras: 1-14. M: Marcador de peso molecular. C-: Controle negativo. C+: Controle positivo.

Fonte: próprio autor

A PCR realizada para amplificação do gene 18S rRNA apresentou resultado positivo em seis das 14 amostras analisadas (42,85%). As amostras 1, 4, 5, 9, 12 e 13 exibiram bandas compatíveis com o tamanho esperado do fragmento amplificado (≈ 850 pb), conforme demonstrado na Figura 9.

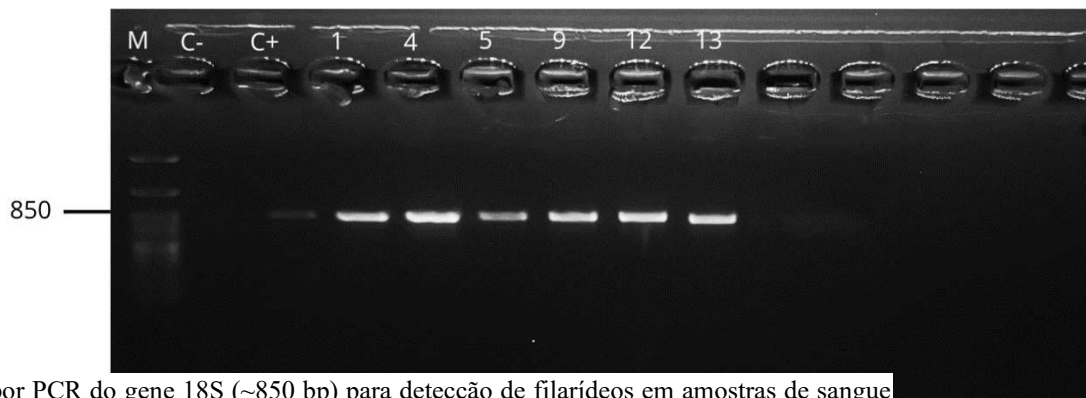


Figura 9- Amplificação por PCR do gene 18S (~ 850 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de *Sapajus apella* coletadas em Lago da Pedra, Maranhão

Fonte: próprio autor

A amplificação do gene 12S rRNA por PCR foi bem-sucedida em seis das 14 amostras avaliadas (42,85%). As amostras 1, 4, 5, 9, 12 e 13 apresentaram bandas correspondentes ao tamanho esperado do amplicon (≈ 450 pb), como ilustrado na Figura 10.

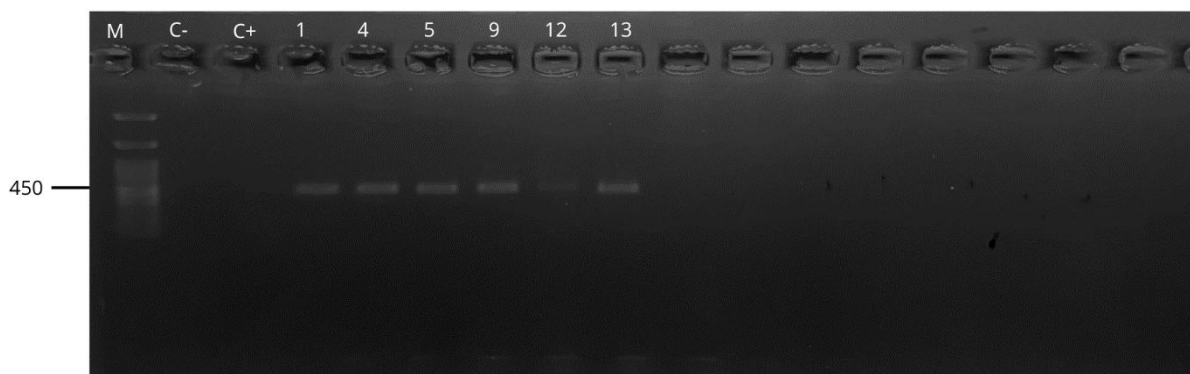


Figura 10- Amplificação por PCR do gene 12S (~450 bp) para detecção de filarídeos em amostras de sangue de *Sapajus apella* coletadas em Lago da Pedra, Maranhão

Fonte: próprio autor

Ao comparar os resultados da análise microscópica e das PCRs, observou-se que as amostras 4, 5 e 12, positivas nas lâminas, também apresentaram amplificação positiva para os genes *cox1*, 18S rRNA e 12S rRNA, confirmando sua positividade nos diferentes marcadores moleculares. Por outro lado, as amostras 1, 9 e 13 foram negativas na microscopia, embora tenham apresentado resultados positivos nas PCRs para todos os genes-alvo analisados (Tabela 6).

Tabela 6- Comparação entre resultados microscópicos e moleculares (PCR) de amostras obtidas de primatas *Sapajus apella* do município de Lago da Pedra

Amostras	Microscopia	PCR <i>cox1</i>	PCR 18S	PCR 12S
1	Negativa	Positiva	Positiva	Positiva
2	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
3	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
4	Positiva	Positiva	Positiva	Positiva
5	Positiva	Positiva	Positiva	Positiva
6	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
7	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
8	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
9	Negativa	Positiva	Positiva	Positiva
10	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
11	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa
12	Positiva	Positiva	Positiva	Positiva
13	Negativa	Positiva	Positiva	Positiva
14	Negativa	Negativa	Negativa	Negativa

Após o sequenciamento das amostras positivas para o gene *cox1*, quatro sequências que apresentaram qualidade suficiente foram incluídas nas análises filogenéticas, correspondendo a 66,7% do total de amostras positivas na PCR. A avaliação dessas sequências por meio da ferramenta BLAST revelou elevados níveis de identidade com *D. gracile*, variando entre 96,32% e 98,91% (Tabela 7).

Tabela 7- Resultados da análise BLAST das sequências do gene *cox1* obtidas nas amostras 1, 4, 5 e 12.

Animal ID	Identidade	Evalue/Query cover	Acesso
1	<i>Dipetalonema gracile</i> /98,19%	0/97%	KP760180.1
4	<i>Dipetalonema gracile</i> /98,91%	0/100%	KP760180.1
9	<i>Dipetalonema gracile</i> /97,86%	0/100%	KP760180.1
12	<i>Dipetalonema gracile</i> /96,32%	0/100%	KP760180.1

Fonte: próprio autor

A análise filogenética por Máxima Verossimilhança revelou a formação de três clados principais, correspondentes aos gêneros *Dirofilaria*, *Onchocerca* e *Dipetalonema*. Todas as sequências do estudo agruparam-se exclusivamente no clado do gênero *Dipetalonema*, com maior proximidade genética das sequências referências de *D. gracile* (Figura 11).

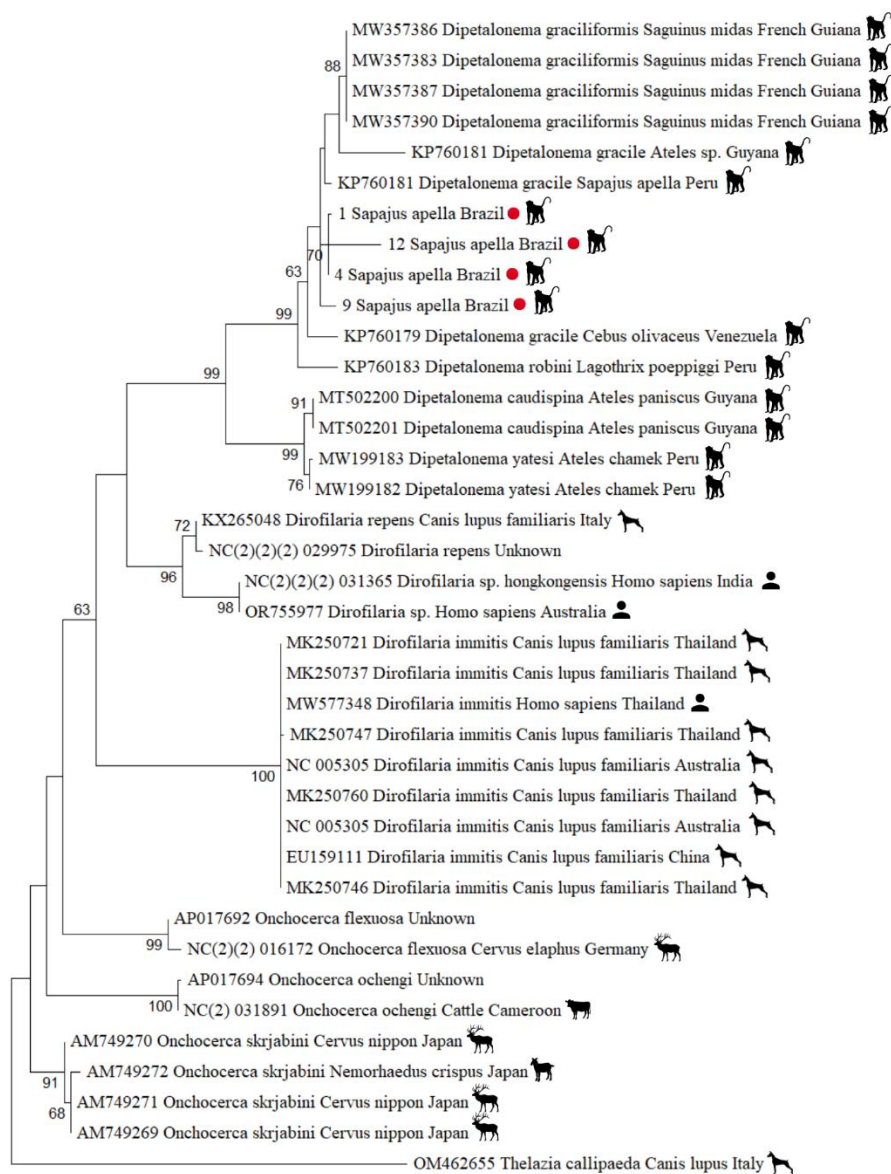


Figura 11- Inferência filogenética por Máxima Verossimilhança baseada no gene *cox-1*, incluindo quatro amostras do presente estudo (*Sapajus apella* —1, 4, 9 e 12) e sequências de referências.

Fonte: Próprio autor

6. DISCUSSÃO

Os registros obtidos por imagens fotográficas permitiram observar que os primatas se mostraram progressivamente familiarizados com as armadilhas *Tomahawk* disponibilizadas no ambiente, indicando que o período de ambientação foi essencial e contribuiu para facilitar o processo de captura. O maior período de atividade dos animais ocorreu pela manhã, o que é

consistente com o padrão esperado para a espécie, já que *S. apella* apresenta comportamento tipicamente diurno (Groves, 2001; Rylands; Mittermeier, 2013).

É possível inferir que a disposição das armadilhas próximas a palmeiras possivelmente facilitou o processo de captura, uma vez que o período de coleta ocorreu majoritariamente na estação seca, quando há menor disponibilidade de recursos alimentares. Nessa época, os primatas tendem a concentrar suas atividades de forrageamento em palmeiras e são frequentemente observados consumindo frutos como o coco-anajá (*Attalea maripa*), que se torna uma das principais fontes alimentares durante a redução de recursos (Spironello, 1991; Gunst et al., 2010).

Este estudo representa o primeiro registro de nematódeos do gênero *Dipetalonema* em *S. apella* no estado do Maranhão. Nas análises microscópicas, três amostras foram positivas no esfregaço sanguíneo. Dentre elas, duas foram obtidas em período noturno, entre 18h09 e 18h30. Embora não existam estudos que relacionem diretamente os níveis de microfilaremia com o horário de coleta para filarídeos do gênero *Dipetalonema*, evidências de outras espécies da família Onchocercidae demonstram que a parasitemia nos mamíferos pode variar de acordo com o período de maior atividade dos vetores. Fontes et al. (2000), ao investigarem a periodicidade microfilarial de *Wuchereria bancrofti* em humanos no estado de Maceió, identificaram que os valores máximos de densidade microfilarial ocorreram por volta de 00h51, caracterizando um padrão noturno adaptado ao vetor. Esse comportamento também já foi observado em espécies como *B. malayi* e *B. timori* (Mathison et al., 2019).

Nesse sentido, considerando que os vetores de *Dipetalonema* são culicoides, cuja atividade é predominantemente crepuscular, com surtos alimentares a partir do entardecer (Wirth; Blanton, 1973; Lillie et al, 1981; Barceló et al., 2023), sugere-se que a detecção morfológica positiva nesse estudo possa estar associada ao horário que a coleta sanguínea foi realizada. Esse padrão reforça a hipótese de uma possível periodicidade microfilarial, entretanto, são necessários estudos específicos para elucidar esse comportamento em *Dipetalonema*.

Nesse estudo, três amostras foram negativas em lâminas, mas positivas por detecção molecular para os genes *cox1*, *18S* e *12S*. Métodos diagnósticos baseados em análises microscópicas diretas apresentam diversas limitações que podem gerar resultados falsos negativos, como em casos de infecções com baixa parasitemia ou quando há infecção por apenas um sexo do nematoide (Aschale et al., 2021; Mejías et al., 2024). Nesse sentido, os métodos moleculares são ferramentas diagnósticas essenciais por se tratarem de métodos mais

sensíveis e específicos (Ferri et al., 2009; Magnes et al., 2013), melhorando o diagnóstico de infecções e facilitando a diferenciação de táxons de parasitas nematoides de importância para saúde humana e veterinária (Chan et al., 2021; Mejías et al., 2024).

Embora o meio LIT seja destinado para cultivo e crescimento de tripanossomatídeos (Barbosa, 2007; Costa et al., 2020) no presente estudo, filarídeos do gênero *Dipetalonema* conseguiram se manter vivos por um período de 12 dias na amostra número 4. Até o momento, não existem relatos na literatura que abordem esse meio como um ambiente ideal para o crescimento de filarídeos. Geralmente, são utilizados meios como RPMI-1640 (*Roswell Park Memorial Institute*) e DMEM (*Dulbecco's Modified Eagle Medium*) suplementados com soro fetal humano (Franke, Riberu, Wiady, 1987; Neves et al., 1991; Falcone; Schlaak, Haas, 1995). Dessa forma, nossos achados podem representar uma evidência inédita de que o meio LIT possui capacidade de manter filarídeos viáveis por um período prolongado, abrindo possibilidades metodológicas e hipóteses sobre o requerimento nutricional desses nematoides.

As sequências obtidas neste estudo, baseadas no gene *cox1*, apresentaram identidade via BLAST entre 96% e 99% com *D. gracile*. Além disso, as amostras agruparam-se em um clado maior composto por espécies do gênero *Dipetalonema*, com alto suporte, mostrando maior proximidade com sequências atribuídas a *D. gracile*. Nesse contexto, os resultados confirmam que o parasito encontrado pertence ao gênero *Dipetalonema* spp. e observa-se uma maior afinidade com *D. gracile*, embora não seja possível confirmar a espécie com base apenas nesse marcador.

A detecção de filarídeos do gênero *Dipetalonema* em primatas do gênero *Sapajus* já foi registrada em diferentes países da América do Sul, como Brasil, Argentina e Peru (Vanderhoeven; Notarnicola; Agostini, 2017; Conga et al., 2019; Pereira et al., 2023). No Brasil, a presença do parasito foi relatada em *S. flavius* no estado da Paraíba (Ramalho et al., 2022) e em *S. nigritus* no Rio Grande do Sul (Pereira et al., 2023; Ehlers et al., 2023). Entretanto, informações específicas sobre a ocorrência em *S. apella* são escassas e, em grande parte, baseadas em registros antigos ou ainda não publicados. Essa carência de dados limita a compreensão sobre a real ocorrência e distribuição de *Dipetalonema* spp. nesse hospedeiro. Nesse sentido, o presente estudo contribui ao ampliar o conhecimento sobre a presença e a distribuição de filarídeos do gênero *Dipetalonema* em *S. apella* no Brasil, fornecendo evidências atualizadas sobre a circulação nesse primata.

De acordo com Lefoulon et al. (2015), *Dipetalonema* é um gênero exclusivo de primatas neotropicais. Das seis espécies atualmente reconhecidas, *D. gracile*, *D. graciliformis* e *D.*

caudispina são as que apresentam registros no Brasil, sendo *D. gracile* a mais amplamente distribuída. Esta espécie já foi reportada em todas as regiões do país, incluindo os estados da Paraíba, Rio Grande do Sul, Amazonas, Goiás, Minas Gerais, Pará, São Paulo, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Rio de Janeiro (Freitas, 1964; Ramalho et al., 2022; Lopes et al., 2022).

Filarídeos do gênero *Dipetalonema* possuem grande relevância para primatas neotropicais, pois além de serem encontrados em tecidos subcutâneos podem parasitar cavidades corporais, causando alterações clínicas graves, especialmente em casos de infecções com alta carga parasitária (Orihel; Seibold, 1972; Strait et al., 2012). O parasito pode causar desnutrição e deterioração progressiva do hospedeiro (Notarnicola; Jimenez; Gardner, 2007), além de reações inflamatórias como peritonite e pleurites, podendo levar à morte do indivíduo acometido (Strait et al., 2012).

O estudo de Ehlers et al. (2023) ao realizar necropsia de primatas da espécie *A. guariba clamitans* e *S. nigritus* associou diversos achados patológicos a presença de nematoides adultos nas cavidades abdominal e torácica e pericárdio. As seguintes alterações patológicas foram observadas: aderências fibrosas na pleura visceral e parietal, cavidade torácica com proliferação de tecido conjuntivo fibroso na pleura visceral causando aderências no pulmão, fígado com proliferação de tecido conjuntivo fibroso, coração com epicárdio apresentando áreas multifocais pálidas e aderência moderada por serosite fibrosa e fibrinosa e intestino delgado com aprisionamento de segmento intestinal por área focal de fibrose.

Estudos epidemiológicos prévios demonstram uma variação nas taxas de infecção por *Dipetalonema* em primatas. Ehlers et al. (2023) relataram 31,3% de positividade, enquanto Conga et al. (2022) observaram 64,5%, ambos utilizando métodos baseados em necropsia. No presente estudo, a detecção por meio de técnicas moleculares revelou uma positividade intermediária de 42,85%. Apesar disso, uma comparação mais abrangente é limitada devido à escassez de dados. A maioria das publicações disponíveis consiste em relatos pontuais ou estudos com amostragem reduzida, que não fornecem estimativas de prevalência. Segundo Conga et al. (2018), a escassez de estudos sobre filarídeos em primatas está relacionada, em grande parte, às dificuldades logísticas de captura e acesso às populações de primatas de vida livre, o que restringe a obtenção de amostras representativas e dificulta avaliações epidemiológicas mais precisas.

Mamíferos machos são frequentemente associados a maior incidência e suscetibilidade a infecções parasitárias (Oliver et al., 2017). No entanto, esse padrão não se confirmou no presente estudo, já que a maior parte dos indivíduos infectados foi composta por fêmeas

(66,7%). Esse resultado reforça que a predominância de infecções em machos não é uma regra universal, podendo variar amplamente entre espécies e diferentes fatores ecológicos, como mencionado por Wesołowska et al. (2022). Nesse contexto, o estudo de Conga et al. (2022) ao analisar padrões relacionados a infecções filariais em primatas neotropicais, incluindo os do gênero *Sapajus*, não encontrou relação de prevalência ou intensidade de carga parasitária associada sexo, tamanho da massa corporal ou tamanho do grupo social.

Por outro lado, fatores ambientais parecem influenciar a incidência e carga parasitária, especialmente em períodos de escassez alimentar durante a estação seca. Longos períodos de baixa disponibilidade de alimento podem gerar estresse ambiental nos primatas, comprometendo suas defesas imunológicas e aumentando a suscetibilidade a infecções parasitárias (Conga et al., 2022). Estudos anteriores indicam que a escassez alimentar prolongada deixa os primatas estressados devido a intensa busca por alimentos (Stevenson et al., 2000; Dew, 2005) diminuindo a imunidade e os deixando mais vulneráveis a infecções (Muehlenbein, 2006; Webster-Marketon e Glaser, 2008). O presente estudo foi realizado principalmente na estação seca, o que pode ter influenciado a positividade observada para os parasitos.

Além disso, fatores climáticos desempenham papel fundamental na análise das taxas de infecção e prevalência de parasitismo em primatas não humanos, pois influenciam diretamente a dinâmica populacional e a distribuição dos vetores (Martínez-Mota et al., 2017; Famakinde, 2018). No município de Lago da Pedra, observam-se condições ambientais que favorecem o ciclo biológico dos Culicoides, contribuindo para sua manutenção e, conseqüentemente, para a continuidade da cadeia de transmissão dos filarídeos. Além disso, a presença de criação de bovinos, associada ao acúmulo de água, esterco e matéria orgânica, constitui um conjunto de fatores amplamente reconhecido como determinante para a formação de criadouros de Culicoides (Sanders et al., 2011; Costa et al., 2013; Gusmão et al., 2014; Werner et al., 2020; Bernotienė et al., 2021). Todos esses elementos foram identificados na área de estudo, reforçando que se trata de um ambiente altamente favorável ao desenvolvimento desses vetores.

Nesse estudo, a escolha do gene *cox1* foi baseada em sua grande utilização e referência como um bom marcador para diferenciar espécies de vertebrados e invertebrados geneticamente próximas (Hebert et al., 2003; Lin; Stur; Ekrem, 2015), além de ser considerado um dos melhores marcadores mitocondriais em análises filogenéticas (Strüder-Kypke; Lynn, 2010). Diversos estudos tem utilizado esse gene em detecção moleculares e análises filogenéticas de parasitas nematoides da família Onchocercidae, incluindo *Dipetalonema* (Lefoulon; Bain;

Bourret, 2015; Sazmand, Eigner; Mirzaei, 2016; Zárate-Rendón et al., 2022; Ehlers et al., 2023; Mejías et al., 2024; Bruley; Duron, 2024).

A organização dos clados observada na análise filogenética corrobora a utilidade do gene *cox1* como marcador informativo para a discriminação de nematoides filarídeos em nível genérico, promovendo a separação consistente entre representantes dos gêneros *Dipetalonema*, *Dirofilaria* e *Onchocerca*, conforme previamente demonstrado em estudos moleculares com filarídeos (Casiraghi et al., 2001; Ferri et al., 2009; Lefoulon et al., 2015).

Nesse contexto, o agrupamento exclusivo das sequências obtidas no clado de *Dipetalonema* reforça a identificação genérica do parasito detectado e evidencia a estabilidade filogenética desse grupo. Além disso, a maior proximidade genética com sequências de referência de *D. gracile* sugere identidade específica provável, padrão semelhante ao observado em análises baseadas em *cox1* para filarídeos neotropicais (Ferri et al., 2009; Lefoulon et al., 2015).

Entretanto, variações intraespecíficas e diferenças geográficas são frequentemente descritas para genes mitocondriais em nematoides, podendo influenciar a distância genética observada (Blouin, 2002). Dessa forma, a inclusão de marcadores adicionais é recomendada para ampliar a robustez da delimitação taxonômica e fortalecer as inferências filogenéticas.

Adicionalmente, do ponto de vista metodológico, a escolha de um grupo externo adequado é fundamental para o enraizamento correto da árvore filogenética (Lefoulon et al., 2015). No presente estudo, utilizou-se *T. callipaeda*, que se mostrou uma escolha apropriada, pois a espécie não se agrupou com nenhum táxon interno e permitiu a obtenção de valores de suporte consistentes. Além disso, outros estudos que empregaram o gene *cox1* em análises moleculares de filarídeos também utilizaram espécies do mesmo gênero como raiz, reforçando a consistência dessa escolha (Casiraghi et al., 2001; Casiraghi et al., 2004; Ehlers et al., 2023).

Apesar disso, embora o gene *cox1* seja amplamente utilizado em análises filogenéticas, estudos recentes recomendam a utilização de um conjunto mais abrangente de marcadores moleculares. Nesse contexto, além do *cox1*, são frequentemente empregados outros genes mitocondriais, como 12S rRNA, bem como marcadores nucleares, a exemplo do 18S rRNA (Zárate-Rendón et al., 2022; Mejías et al., 2024).

Por fim, no presente estudo, as sequências de *cox1* apresentaram alta identidade com *D. gracile*, indicando fortemente a identidade do parasito. Entretanto, a inclusão de marcadores adicionais é importante para ampliar a robustez da delimitação taxonômica e fortalecer o suporte das inferências filogenéticas. As análises complementares com os genes 12S rRNA e

18S rRNA encontram-se em andamento e deverão proporcionar uma caracterização molecular mais abrangente do parasito detectado, permitindo confirmar com maior segurança sua posição filogenética dentro do gênero *Dipetalonema*.

7. CONCLUSÃO

Os resultados deste estudo confirmam, pela primeira vez, a ocorrência de filarídeos do gênero *Dipetalonema* em primatas *S. apella* no estado do Maranhão. Esses achados ampliam o conhecimento sobre a distribuição de nematoides filarídeos em primatas neotropicais e contribuem para preencher uma lacuna importante de informações parasitológicas na região, especialmente em áreas de transição ecológica como a Região Imediata de Bacabal.

Além disso, a detecção molecular e a caracterização filogenética realizadas neste trabalho fornecem subsídios relevantes para futuras investigações epidemiológicas e para o monitoramento da saúde de populações silvestres. Considerando o papel dos primatas como componentes essenciais da biodiversidade e o fato de muitas espécies estarem sob pressão devido à perda de habitat e outras ameaças, estudos como este tornam-se fundamentais para compreender os impactos potenciais de parasitos na conservação e no manejo da fauna.

Dessa forma, este estudo estabelece uma base inicial para o desenvolvimento de ações de vigilância e para o avanço das pesquisas sobre filarídeos em primatas no Maranhão e em outras áreas do Nordeste brasileiro.

REFERÊNCIAS

- AGUIRRE, A. A. Changing patterns of emerging zoonotic diseases in wildlife, domestic animals, and humans linked to biodiversity loss and globalization. **ILAR Journal**, v. 58, p. 315-318, 2017.
- ALFARO, J. W. L.; SILVA, J. D. E. S. E.; RYLANDS, A. B. How different are robust and gracile capuchin monkeys? An argument for the use of *Sapajus* and *Cebus*. **American Journal of Primatology**, v. 74, p. 273-286, 2012. DOI: 10.1002/ajp.22007.
- ANDERSON, R. C. et al. Nematode parasites of vertebrates: their development and transmission. 2. ed. Wallingford; New York: CABI Publishing, 2000. ISBN 0851994210
- ANNOSCIA, G. et al. A new PCR assay for the detection and differentiation of *Babesia canis* and *Babesia vogeli*. **Ticks and Tick-Borne Diseases**, v. 8, p. 862–871, 2017.
- APARÍCIO, A. A. S.; CASTELLÓN, G. E.; FONSECA, R. F. O. Distribuição de *Culicoides* (Diptera: *Ceratopogonidae*) na Amazônia Legal através de técnicas de geoprocessamento. **Revista Colombiana de Ciência Animal**, v. 3, p. 283-299, 2011.
- ASCHALE, Y. et al. Comparison of direct wet mount, Kato-Katz and formol ether sedimentation technique for the diagnosis of hookworm infection in Debre Elias Woreda, Northwest Ethiopia. **Tropical Doctor**, v. 51, p. 170-174, 2021.
- ASGEIRSSON, H.; HARLING, A.; BOTERO-KLEIVEN, S. Successful treatment of 2 imported cases of *Mansonella perstans* infection. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 11, n. 5, e0005452, 2017.
- ASIO, S. M.; SIMONSEN, P. E.; ONAPA, A. W. *Mansonella perstans* filariasis in Uganda: patterns of microfilaraemia and clinical manifestations in two endemic communities. **Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 103, n. 3, p. 266-273, 2009.
- AVRAMENKO, R. W. et al. The use of nemabiome metabarcoding to explore gastrointestinal nematode species diversity and anthelmintic treatment effectiveness in beef calves. **International Journal for Parasitology**, v. 47, n. 13, p. 893–902, 2017. DOI: 10.1016/j.ijpara.2017.06.006.
- BAIN, O.; DIAGNE, M.; MULLER, R. Une cinquième filaire du genre *Dipetalonema*, parasite de singes sud-américains. **Annales de Parasitologie Humaine et Comparée**, v. 62, p. 262–270, 1987.
- BAIN, O. et al. Revisão do gênero *Mansonella* Faust, 1929 sensu lato (Nematoda: *Onchocercidae*), com descrições de um novo subgênero e de uma nova subespécie. **Zootaxa**, v. 3918, p. 151-193, 2015.
- BAIN, O.; PETIT, G.; ROSALES-LOESENER, L. Filaires de singes sud-américains. **Bulletin du Museum National de Histoire Naturelle**, Section A, v. 8, p. 513–542, 1986.
- BAKHOUM, M. T. et al. Insight on the larval habitat of Afrotropical *Culicoides* Latreille (Diptera: *Ceratopogonidae*) in the Niayes area of Senegal, West Africa. **Parasites & Vectors**, v. 9, p. 462, 2016.
- BANDEIRA, M. A. C. et al. Infestation of Brazilian peridomiliary areas by *Culicoides* (Diptera: *Ceratopogonidae*) in humid and semihumid climates. **Journal of Medical Entomology**, v. 53, p. 1163-1168, jun. 2016.

- BANDEIRA, M. C. A. et al. The influence of environmental management and animal shelters in vector control of *Culicoides* (Diptera, *Ceratopogonidae*) in northeastern Brazil. **Journal of Vector Ecology**, v. 42, n. 1, p. 113-119, jan. 2017.
- BARBOSA, C. A. L. Estudo da infectividade da cepa "Y" de *Trypanosoma cruzi*, mantida por longo período em meio de cultura, após passagem em triatomíneos. **Revista de Patologia Tropical, Goiânia**, v. 18, n. 2, 2007.
- BARCELÓ, C.; DEL RÍO, R.; MIRANDA, M. A. Seasonal and nocturnal activity of *Culicoides* spp. (Diptera: *Ceratopogonidae*) adapted to different environments in the Balearic Islands. **Diversity**, v. 15, n. 5, p. 690, 2023.
- BARROS, V. L. L.; MARINHO, R. M.; REBÊLO, J. M. M. Ocorrência de espécies de *Culicoides* Latreille (Diptera: *Ceratopogonidae*) na área metropolitana de São Luís, Maranhão, Brasil. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 23, p. 2789-2790, 2007.
- BEN-CHETRIT, E.; SCHWARTZ, E. Vector-borne diseases in Haiti: a review. **Travel Medicine and Infectious Disease**, v. 13, p. 150–158, 2015.
- BERNOTIENĖ, R.; BARTKEVIČIENĖ, G.; BUKAUSKAITĖ, D. The flying activity of biting midges (*Ceratopogonidae: Culicoides*) in Verkiai Regional Park, southeastern Lithuania. **Parasitology Research**, v. 120, p. 2323-2332, 2021.
- BERNOTIENĖ, R.; TREINYS, R.; BUKAUSKAITĖ, D. Vertical distribution of *Culicoides* biting midges in temperate forests. **Diversity**, v. 16, n. 9, p. 585, 2024. DOI: 10.3390/d16090585.
- BEZERRA-SANTOS, M. A.; RAMOS, R. A. N.; CAMPOS, A. K. *Didelphis* spp. opossums and their parasites in the Americas: a One Health perspective. **Parasitology Research**, v. 120, p. 4091-4111, 2021.
- BLAXTER, M. Imagining Sisyphus happy: DNA barcoding and the unnamed majority. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 371, n. 1702, p. 1-5, 2016.
- BORKENT, A.; DOMINIAK, P. Catalog of the biting midges of the world (Diptera: *Ceratopogonidae*). **Zootaxa**, v. 4787, p. 1–377, 2020. DOI: 10.11646/zootaxa.4787.1.1.
- BORKENT, A.; GROGAN JR., W. L. Catalog of the New World biting midges north of Mexico (Diptera: *Ceratopogonidae*). **Zootaxa**, v. 2273, p. 1–48, 2009.
- BOUBLI, J. P. et al. How many pygmy marmoset (*Cebuella* Gray, 1870) species are there? A taxonomic re-appraisal based on new molecular evidence. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 120, p. 170-182, 2018.
- BOUBLI, J. P. et al. *Cebus* phylogenetic relationships: a preliminary reassessment of the diversity of the untufted capuchin monkeys. **American Journal of Primatology**, v. 74, p. 381-393, 2012.
- BOULENGER, C. L. Filarid worms from mammals and birds in the Society's Garden, 1911–1915. **Proceedings of the Zoological Society of London**, v. 4, p. 491–505, 1920.
- BROWN, M. Manson's tropical diseases. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 9, p. 407-408, 2009.

- BRULEY, M.; DURON, O. Análise de sequência multi-locus revela um novo gênero de nematoides filiares associados a carrapatos na Guiana Francesa. **Parasite**, v. 31, p. 14, 2024.
- BUENO, M. G. et al. Infectious diseases in free-ranging blonde capuchins, *Sapajus flavius*, in Brazil. **International Journal of Primatology**, v. 38, p. 1017–1031, 2017. DOI: 10.1007/s10764-017-9994-5.
- CAROSI, M.; LINN, G. S.; VISALBERG, E. The sexual behavior and breeding system of tufted capuchin monkeys (*Cebus apella*). **Advances in the Study of Behavior**, v. 35, p. 105-149, 2005.
- CASIRAGHI, M. et al. A phylogenetic analysis of filarial nematodes: comparison with the phylogeny of *Wolbachia endosymbionts*. **Parasitology**, v. 122, p. 93-103, 2001.
- CASIRAGHI, M. et al. Mapping the presence of *Wolbachia pipientis* on the phylogeny of filarial nematodes: evidence for symbiont loss during evolution. **International Journal for Parasitology**, v. 34, p. 191-203, 2004.
- CHAN, A. H. E. et al. Assessing the suitability of mitochondrial and nuclear DNA genetic markers for molecular systematics and species identification of helminths. **Parasites & Vectors**, v. 14, p. 233, 2021.
- CONGA, D. et al. Filarial hyperinfection in two neotropical primates from eastern Amazon peri-urban areas. **Journal of Medical Primatology**, v. 52, p. e12658, 2023.
- CONGA, D. et al. First report of filarial nematodes in free-living pitheciid primates. **Systematic Parasitology**, v. 96, p. 10.1007/s11230-019-09838-y, 2019.
- CONNOUR, J. R.; GLANDER, K.; VINCENT, F. Postcranial adaptations for leaping in primates. **Journal of Zoology**, v. 251, n. 1, p. 79-103, 2000.
- CORRÊA, P. et al. Checklist of helminth parasites of wild primates from Brazil. **Revista Mexicana de Biodiversidad**, v. 87, n. 3, p. 908-918, 2016.
- CORREIA FILHO, F. L. **Projeto Cadastro de Fontes de Abastecimento por Água Subterrânea, estado do Maranhão: relatório diagnóstico do município de Lago da Pedra**. Teresina: CPRM - Serviço Geológico do Brasil, 2011.
- COSTA, A. F. P. et al. Liver infusion tryptose (LIT): the best choice for growth, viability, and infectivity of *Leishmania infantum* parasites. **Parasitology Research**, v. 119, n. 12, p. 4185-4195, dez. 2020.
- COSTA, C. H. A. et al. Ribosomal, mitochondrial and bacterial (*Wolbachia*) reference sequences for *Dipetalonema gracile* obtained from a wild pied tamarin (*Saguinus bicolor*) host in Manaus, Brazil. **Acta Amazonica**, v. 53, p. 130-140, 2023.
- COSTA, J. C. et al. Espécies de *Culicoides* (Diptera; Ceratopogonidae) e hospedeiros potenciais em área de ecoturismo do Parque Nacional dos Lençóis Maranhenses, Brasil. **Revista Pan-Amazônica de Saúde**, v. 4, p. 11-18, 2013.
- COSTA-ARAÚJO, R. et al. A dataset of new occurrence records of primates from the arc of deforestation, Brazil. **Primate Biology**, v. 11, n. 1, p. 1–11, 2024.
- COSTA-ARAÚJO, R. et al. An integrative analysis uncovers a new, pseudo-cryptic species of Amazonian marmoset (Primates: Callitrichidae: Mico) from the arc of deforestation. **Scientific Reports**, v. 11, p. 15665, 2021.

COSTA-ARAÚJO, R. et al. The *Munduruku marmoset*: a new monkey species from southern Amazonia. **PeerJ**, v. 7, e7019, 2019.

DALPONTE, J.; SILVA, F. E.; SILVA-JÚNIOR, J. S. New species of titi monkeys, genus *Callicebus* Thomas, 1903 (Primates, Pitheciidae), from southern Amazonia, Brazil. **Papéis Avulsos de Zoologia**, v. 54, p. 457-472, 2014.

DAMMAHN, M.; KAPPELER, P. M. Small-scale coexistence of two mouse lemur species (*Microcebus berthae* and *M. murinus*) within a homogeneous competitive environment. **Oecologia**, v. 157, p. 473-483, 2008.

DAVIES, T. J.; PEDERSEN, A. B. Phylogeny and geography predict pathogen community similarity in wild primates and humans. **Proceedings of the Royal Society B**, v. 275, n. 1643, p. 1695–1701, 2008. DOI: 10.1098/rspb.2008.0284.

DE ANDRADE VIEIRA, V. M. et al. Molecular characterization of canine filarioids in a previously non-endemic area of Rio de Janeiro State, **Brazil**. **Parasitology Research**, v. 121, n. 3, p. 925–932, 2022. DOI: 10.1007/s00436-022-07433-7.

DEIANA, G.; ARGHITTU, A.; DETTORI, M.; CASTIGLIA, P. One World, One Health: zoonotic diseases, parasitic diseases, and infectious diseases. **Healthcare**, v. 12, p. 922, 2024. DOI: 10.3390/healthcare12090922.

DEMES, B.; O'NEILL, M. C. Ground reaction forces and center of mass mechanics of bipedal capuchin monkeys: implications for the evolution of human bipedalism. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 150, n. 1, p. 76-86, 2013.

DEVAUX, C. A.; MEDIANNIKOV, O.; MEDKOUR, H.; RAOULT, D. Infectious disease risk across the growing human–non-human primate interface: a review of the evidence. **Frontiers in Public Health**, v. 7, p. 305, 2019.

DEW, L. Foraging, food choice, and food processing by sympatric ripe-fruit specialists: *Lagothrix lagotricha poeppigii* and *Ateles belzebuth belzebuth*. **International Journal of Primatology**, v. 26, n. 5, p. 1107-1135, 2005.

DI BITETTI, M. S.; JANSON, C. H. Reproductive socioecology of tufted capuchins (*Cebus apella nigrinus*) in northeastern Argentina. **International Journal of Primatology**, v. 22, n. 2, p. 127-140, 2001.

DIAS, C. A. First report of *Mansonella mariae* and *Dipetalonema gracile* in the Amazonian city-dweller threatened primate, *Saguinus bicolor*. **Frontiers in Tropical Diseases**, v. 4, 1080218, 2023.

DOWNES, B. L.; JACOBSEN, K. H. A systematic review of the epidemiology of *Mansonelliasis*. **African Journal of Infectious Diseases**, v. 4, n. 1, p. 7-14, 2010.

DUNBAR, R. I. The social brain: mind, language, and society in evolutionary perspective. **Annual Review of Anthropology**, v. 32, n. 1, p. 163-181, 2003.

EBERHARD, M. L.; LOWRIE JUNIOR, R. C.; ORIHEL, T. C. Development of *Dipetalonema gracile* and *D. caudispina* to the infective stage in *Culicoides hollensis*. **Journal of Parasitology**, v. 65, n. 1, p. 89–95, 1979.

- EHLERS, L. P. et al. Causes of death in neotropical primates in Rio Grande do Sul State, Southern Brazil. **Journal of Medical Primatology**, v. 51, n. 2, p. 85-92, 2022.
- ELBERS, A. R. W.; KOENRAADT, C.; MEISWINKEL, R. Mosquitoes and Culicoides biting midges: vector range and the influence of climate change. **Revue Scientifique et Technique**, v. 34, p. 123-137, 2015.
- ELBERS, A. R. W.; GONZÁLEZ, J. L. Culicoides (Diptera: Ceratopogonidae) abundance is influenced by livestock host species and distance to hosts at the micro-landscape scale. **Insects**, v. 14, n. 7, article 637, 2023.
- ELEY, T. J. Dipetalonema spirocauda in Alaskan marine mammals. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 17, n. 1, p. 65–67, 1981. DOI: 10.7589/0090-3558-17.1.65.
- ELLWANGER, J. H.; CHIES, J. A. B. Zoonotic spillover: understanding basic aspects for better prevention. **Genetics and Molecular Biology**, v. 44, e20200355, 2021.
- EMMONS, L. H.; FEER, F. **Neotropical rainforest mammals: a field guide**. Chicago: University of Chicago Press, 1997.
- ESTRADA, A. *et al.* Impending extinction crisis of the world's primates: why primates matter. **Science Advances**, v. 3, n. 1, e1600946, 2017.
- ESTRADA, A. *et al.* Primates in peril: the significance of Brazil, Madagascar, Indonesia and the Democratic Republic of the Congo for global primate conservation. **PeerJ**, v. 6, e4869, 2018.
- ESTRADA, A.; RABOY, B. E.; OLIVEIRA, L. C. Agroecosystems and primate conservation in the tropics: a review. **American Journal of Primatology**, v. 74, n. 8, p. 696-711, 2012.
- FALCONE, F. H.; SCHLAAK, M.; HAAS, H.. In vitro cultivation of *Brugia malayi*, a parasitic nematode that causes human lymphatic filariasis. **Forschungsinstitut Borstel Institut für Experimentelle Biologie und Medizin**, v. 12, n. 4, 1995.
- FAMAKINDE, D. O. Mosquitoes and the lymphatic filarial parasites: research trends and budding roadmaps to future disease eradication. **Tropical Medicine and Infectious Disease**, v. 3, n. 1, p. 4, 2018.
- FARNER, J. E.; HOWARD, M.; SMITH, J. R. et al. Local tree cover predicts mosquito species richness and disease vector presence in a tropical countryside landscape. **Landscape Ecology**, v. 40, p. 111, 2025.
- FERRI, E. *et al.* Integrated taxonomy: traditional approach and DNA barcoding for the identification of filarioid worms and related parasites (Nematoda). **Frontiers in Zoology**, v. 6, 2009.
- FLEAGLE, J. **Primate adaptation and evolution**. 3. ed. [S. l.]: [s. n.], 2013
- FONTES, G. *et al.* The microfilarial periodicity of *Wuchereria bancrofti* in north-eastern Brazil. **Annals of Tropical Medicine & Parasitology**, v. 94, p. 373-379, 2000.
- FRAGASZY, D. M.; VISALBERGHI, E.; FEDIGAN, L. M. **The complete capuchin: the biology of the genus Cebus**. Cambridge: Cambridge University Press, 2004.
- FRANKE, E. D.; RIBERU, W.; WIADY, I. In vitro cultivation of third stage larvae of *Wuchereria bancrofti* to the fourth stage. **American Journal of Tropical Medicine and Hygiene**, v. 37, n. 2, p. 370-375, set. 1987.

GALÁN-ACEDO, C.; ARROYO-RODRÍGUEZ, V.; ANDRESEN, E. et al. The conservation value of human-modified landscapes for the world's primates. **Nature Communications**, v. 10, p. 152, 2019. DOI: 10.1038/s41467-018-08139-0.

GARG, S.; BANERJEE, B. One World, One Health. **Indian Journal of Community Medicine**, v. 46, p. 581–583, 2021.

GARRIDO-BAUTISTA, J. et al. Prevalence, molecular characterization and ecological associations of filarioid helminths in a wild population of blue tits (*Cyanistes caeruleus*). **Diversity**, v. 15, p. 609, 2023. DOI: 10.3390/d15050609.

GILLESPIE, T. R.; NUNN, C. L.; LEENDERTZ, F. H. Integrative approaches to the study of primate infectious disease: implications for biodiversity conservation and global health. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 137, suppl. 47, p. 53–69, 2008. DOI: 10.1002/ajpa.20949.

GIRISH, P. S. et al. Sequence analysis of mitochondrial 12S rRNA gene can identify meat species. **Meat Science**, v. 66, p. 551–556, 2004.

GONÇALVES, A. Q.; VICENTE, J. J.; PINTO, R. M. Nematodes of Amazonian vertebrates deposited in the Helminthological Collection of the Oswaldo Cruz Institute with new records. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 19, p. 453-465, 2002.

GUALDA-BARROS, J.; DO NASCIMENTO, F. O.; DO AMARAL, M. K. A new species of *Callicebus* Thomas, 1903 (Primates, Pitheciidae) from the states of Mato Grosso and Pará, Brazil. **Papéis Avulsos de Zoologia**, v. 52, p. 261-279, 2012.

GUNST, N. et al. The ontogeny of handling hard-to-process food in wild brown capuchins (*Cebus apella apella*): evidence from foraging on the fruit of *Maximiliana maripa*. **American Journal of Primatology**, v. 72, n. 11, p. 960-973, 2010.

GUSMÃO, A. C. et al. A new species of titi monkey, *Plecturocebus* Byrne et al., 2016 (Primates, Pitheciidae) from southwestern Amazonia, Brazil. **Primate Conservation**, n. 33, p. 21-35, 2019.

GUSMÃO, G. M. C. et al. Determinação das fontes de repasto sanguíneo de *Culicoides* Latreille (Diptera, Ceratopogonidae) em áreas rurais do norte do estado do Maranhão, Brasil. **Biotemas**, v. 28, p. 51-58, 2014.

HEBERT, P. D. N. et al. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 270, p. 313-321, 2003.

HENDY, A. et al. Microclimate and vertical stratification of potential bridge vectors of mosquito-borne viruses in an Amazonian forest. **Scientific Reports**, v. 11, p. 21129, 2021. DOI: 10.1038/s41598-021-00514-0.

HONG, E. et al. Co-infection of *Dipetalonema* species (Nematoda: Onchocercidae) in a captive squirrel monkey (*Saimiri sciureus*) from China: first molecular characterization of *Dipetalonema freitasi*. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, art. 101168, 2025.

HUSSEIN, H. A. Brief review on Ebola virus disease and One Health approach. **Heliyon**, v. 9, n. 8, e19036, 2023.

INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE. **Plano de Ação Nacional para Conservação dos Primatas do Nordeste**. 2024. Disponível em:

<https://www.gov.br/icmbio/pt-br/assuntos/biodiversidade/pan/pan-primatas-do-nordeste>. Acesso em: 23 nov. 2025.

JERUSALINSKY, L.; AZEVEDO, R. B.; GORDO, M. **Plano de ação nacional para a conservação do Sauim-de-coleira**. Brasília: Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, 2017. 207 p.

JONES, K. E. et al. Global trends in emerging infectious diseases. **Nature**, v. 451, p. 990–993, 2008. DOI: 10.1038/nature06536.

KELLY, T. R. et al. One Health proof of concept: bringing a transdisciplinary approach to surveillance for zoonotic viruses at the human–wild animal interface. **Preventive Veterinary Medicine**, v. 137, p. 112–118, 2017.

KRAUSS, H. et al. Zoonoses: infectious diseases transmissible from animals to humans. Washington: **American Society of Microbiology Press**, 2003.

KUMAR, S. et al. Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 12 for adaptive and green computing. **Molecular Biology and Evolution**, v. 41, p. 1-9, 2024.

LA SALLES, A. Y. F. *et al.* de. Aspectos biológicos e comportamentais de *Sapajus libidinosus*: revisão. **Pubvet**, v. 12, n. 1, p. 1-13, 2018.

LAIDOUDI, Y. *et al.* *Dipetalonema graciliformis* (Freitas, 1964) from the red-handed tamarins (*Saguinus midas*, Linnaeus, 1758) in French Guiana. **Parasitology**, v. 148, n. 11, p. 1353-1359, 2021.

LAIDOUDI, Y. *et al.* New molecular data on filaria and its *Wolbachia* from red howler monkeys (*Alouatta macconnelli*) in French Guiana: a preliminary study. **Pathogens**, v. 9, p. 626, 2020.

LARSON, S. G. Nonhuman primate locomotion. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 165, n. 4, p. 705-725, 2018.

LATROFA, M. S. et al. A multiplex PCR for the simultaneous detection of species of filarioids infesting dogs. **Acta Tropica**, v. 122, n. 1, p. 150–154, 2012. DOI: 10.1016/j.actatropica.2012.01.006.

LEFOULON, E.; BAIN, O.; BOURRET, J. Shaking the tree: multi-locus sequence typing usurps current onchocercid (Filarial nematode) phylogeny. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 9, e4233, 2015.

LEHMANN, J.; KORSTJENS, A. H.; DUNBAR, R. I. Group size, grooming and social cohesion in primates. **Animal Behaviour**, v. 74, n. 6, p. 1617-1629, 2007.

LILLIE, T.; MARQUARDT, W.; JONES, R. The flight range of *Culicoides variipennis* (Diptera: Ceratopogonidae). **The Canadian Entomologist**, v. 113, p. 419-426, 1981.

LIMA, M. G. M. *et al.* A phylogenomic perspective on the robust capuchin monkey (*Sapajus*) radiation: first evidence for extensive population admixture across South America. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 124, p. 137-150, 2018.

LIMA, M. G. M. *et al.* Capuchin monkey biogeography: understanding *Sapajus* Pleistocene range expansion and the current sympatry between *Cebus* and *Sapajus*. **Journal of Biogeography**, v. 44, p. 810-820, 2017.

- LI, J. et al. Combined mitochondrial 16S and 12S rDNA sequences: an effective genetic marker for inter-species phylogenetic analysis of zoonotic trematodes. **Parasitology Research**, v. 107, p. 561–569, 2010.
- LIN, X.; STUR, E.; EKREM, T. Exploring genetic divergence in a species-rich insect genus using 2790 DNA barcodes. **PLoS ONE**, v. 10, e0138993, 2015.
- LOPES, G. P. *et al.* Taxonomic review of *Saguinus mystax* (Spix, 1823) (Primates, Callitrichidae), and description of a new species. **PeerJ**, v. 11, e14526, 2023.
- LOPES, S.; *et al.* Necropsies disclose a low helminth parasite diversity in periurban howler monkeys. **American Journal of Primatology**, v. 84, e23346, 2021.
- LYNCH ALFARO, J. W. *et al.* Explosive Pleistocene range expansion leads to widespread Amazonian sympatry between robust and gracile capuchin monkeys. **Journal of Biogeography**, v. 39, p. 272-288, 2012.
- MAGNIS, J. *et al.* Morphometric analyses of canine blood microfilariae isolated by the Knott's test enables *Dirofilaria immitis* and *D. repens* species-specific and *Acanthocheilonema* (syn. *Dipetalonema*) genus-specific diagnosis. **Parasites & Vectors**, v. 6, p. 48, 2013.
- MAIER, A. *et al.* Binocular integration in the primate primary visual cortex. **Annual Review of Vision Science**, v. 8, n. 1, p. 345-360, 2022.
- MANN, A. E. *et al.* Biodiversity of protists and nematodes in the wild nonhuman primate gut. **ISME Journal**, v. 14, n. 2, p. 609–622, 2020. DOI: 10.1038/s41396-019-0551-4.
- MARSH, L. K. A taxonomic revision of the saki monkeys, *Pithecia* Desmarest. **Neotropical Primates**, v. 21, p. 1-16, 2014.
- MARTÍNEZ-MOTA, R. *et al.* The relative effects of reproductive condition, stress, and seasonality on patterns of parasitism in wild female black howler monkeys (*Alouatta pigra*). **American Journal of Primatology**, v. 79, n. 8, p. e22669, 2017.
- MARTINS, A. B. *et al.* A new assessment of robust capuchin monkey (*Sapajus*) evolutionary history using genome-wide SNP marker data and a Bayesian approach to species delimitation. **Genes**, v. 14, n. 5, p. 970, 2023. DOI: 10.3390/genes14050970.
- MATHIEU, B. *et al.* Development and validation of IIKC: an interactive identification key for *Culicoides* females. **Parasites & Vectors**, v. 5, p. 137, 2012.
- MATHISON, B. A.; COUTURIER, M. R.; PRITT, B. S. Identificação diagnóstica e diferenciação de microfilárias. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 57, n. 10, e00706-19, 24 set. 2019.
- MCGREGOR, B. L. *et al.* Vertical stratification of *Culicoides* biting midges at a Florida big game preserve. **Parasites & Vectors**, v. 11, p. 505, 2018.
- MEJÍAS-ALPÍZAR, M. J. *et al.* Mitochondrial and ribosomal markers in the identification of nematodes of clinical and veterinary importance. **Parasites & Vectors**, v. 17, p. 77, 2024.
- MELCHIONNA, M. *et al.* Macroevolutionary trends of brain mass in Primates. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 129, n. 1, p. 14-25, 2019.
- MELLOR, P. S. *et al.* *Culicoides* biting midges: their role as arbovirus vectors. **Annual Review of Entomology**, v. 45, p. 307-340, 2000.

- MENDES PONTES, A. R. Habitat partitioning among the primates of Maraca Island, Roraima, Brazilian Amazonia. **International Journal of Primatology**, v. 18, p. 131-157, 1997.
- MITTERMEIER, R. A. et al. (orgs.). **Primates in peril: the world's 25 most endangered primates 2023-2025**. Washington, DC: IUCN SSC Primate Specialist Group; International Primatological Society; Re:wild, 2024. 155 p.
- MITTERMEIER, R. A. et al. **IUCN SSC Primate Specialist Group: Report 2018-2021**. Quito: International Primatological Society, 2022. 9 p.
- MOLIN, R. Versuch einer Monographie der Filarien. **Sitzungsberichte der Kaiserlichen Akademie der Wissenschaften**, v. 28, p. 365-461, 1858.
- MORAES, M. F. D. et al. Filarial nematodes with zoonotic potential in ring-tailed coatis (*Nasua nasua* Linnaeus, 1766, Carnivora: Procyonidae) and domestic dogs from Iguaçu National Park, Brazil. **Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports**, v. 8, p. 1-9, 2017. DOI: 10.1016/j.vprsr.2017.01.003.
- MUEHLENBEIN, M. P. Intestinal parasite infections and fecal steroid levels in wild chimpanzees. **American Journal of Physical Anthropology**, v. 130, p. 546-550, 2006.
- MUNIZ-PEREIRA, L. C.; VIEIRA, F. M.; LUQUE, J. L. Checklist of helminth parasites of threatened vertebrate species from Brazil. **Zootaxa**, n. 2123, p. 1-45, 2009.
- NEUPANE, S.; DAVIS, T.; OLDS, C. et al. Unraveling the relationships between midge abundance and incidence, microbial communities, and soil and water properties. **Parasites & Vectors**, v. 18, p. 146, 2025
- NEVES, J. M.; NARDI, N. B.; ANDRADE, L.; DREYER, G. In vitro differentiation of *Wuchereria bancrofti* (Filariidae). **Brazilian Journal of Medical and Biological Research**, v. 24, n. 10, p. 1011-1016, 1991.
- NORONHA, D.; VICENTE, J. J.; PINTO, R. M. Uma pesquisa de novos registros de hospedeiros para nematóides de mamíferos depositados na Coleção Helmintológica do Instituto Oswaldo Cruz (CHIOC). **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 19, p. 945-949, 2002.
- NOTARNICOLA, J.; JIMÉNEZ, F. A.; GARDNER, S. L. A new species of *Dipetalonema* (Filarioidea: Onchocercidae) from *Ateles chamek* from the Beni of Bolivia. **Journal of Parasitology**, v. 93, n. 3, p. 661-667, 2007. DOI: 10.1645/GE-962R1.1.
- NOTARNICOLA, J.; PINTO, C. M.; NAVONE, G. T. Host occurrence and geographical distribution of *Dipetalonema* spp. (Nematoda: Onchocercidae) in Neotropical monkeys and the first record of *Dipetalonema gracile* in Ecuador. **Comparative Parasitology**, v. 75, n. 1, p. 61-68, 2008.
- NUNES, M.; VASCONCELOS, H. B.; MEDEIROS, D. B. A. A Febre do Oropouche: Uma revisão dos aspectos epidemiológicos e moleculares na Amazônia Brasileira. **Cadernos de Saúde Coletiva**, v. 15, p. 303-318, 2007.
- NUNN, C. L.; ALTIZER, S. M. Infectious diseases in primates: behavior, ecology and evolution. Oxford: Oxford University Press, 2006.
- OLIVER-GUIMERÁ, A. et al. The physiological cost of male-biased parasitism in a nearly monomorphic mammal. **Parasites & Vectors**, v. 10, p. 200, 2017.

- ORTIZ-PRADO, E. *et al.* Integrating environmental conservation and public health strategies to combat zoonotic disease emergence: a call to action from the Amazon rainforest. **Frontiers in Cellular and Infection Microbiology**, v. 14, 1405472, 2024.
- PARSON, W. *et al.* EMPOP — the EDNAP mtDNA population database concept for a new generation, high-quality mtDNA database. **International Congress Series**, v. 1261, p. 106–108, 2004.
- PAPAIKAVOU, M. *et al.* Worms and bugs of the gut: the search for diagnostic signatures using barcoding, and metagenomics–metabolomics. **Parasites & Vectors**, v. 15, n. 1, p. 118, 2022. DOI: 10.1186/s13071-022-05225-4.
- PATZ, J. A. *et al.* Effects of environmental change on emerging parasitic diseases. **International Journal for Parasitology**, v. 30, p. 1395-1405, 2000.
- PEREIRA, B. da R. *et al.* Infecção multissistêmica por *Dipetalonema* spp. em um macaco-prego (*Sapajus nigritus*). **Ciência Animal Brasileira**, v. 24, e75264, 2023.
- PERELMAN, P. *et al.* A molecular phylogeny of living primates. **PLoS Genetics**, v. 7, e1001342, 2011.
- PETIT, G.; BAIN, O.; ROUSSILHON, C. Deux nouvelles filaires chez un singe, *Saimiri sciureus*, au Guyana. **Annales de Parasitologie Humaine et Comparée**, v. 60, p. 65-81, 1985.
- PHILLIPS, K. A. *et al.* Why primate models matter. **American Journal of Primatology**, v. 76, n. 9, p. 801-827, 2014.
- PINTO, R. M. *et al.* Nematodes from mammals in Brazil: an updating. **Neotropical Helminthology**, v. 5, p. 139-183, 2011.
- PREUSCHOFT, H. What does "arboreal locomotion" mean exactly and what are the relationships between "climbing", environment and morphology? **Zeitschrift für Morphologie und Anthropologie**, p. 171-188, 2002.
- RAMALHO, A. C. *et al.* First report of *Dipetalonema gracile* in a captive Marcgrave's capuchin monkey (*Sapajus flavius*) in northeastern Brazil: scientific communication. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 43, n. 2, p. 883-888, 2022.
- REBÊLO, J. M. M. *et al.* Detection of *Leishmania amazonensis* and *Leishmania braziliensis* in Culicoides (Diptera, Ceratopogonidae) in an endemic area of cutaneous leishmaniasis in the Brazilian Amazonia. **Journal of Vector Ecology**, v. 41, p. 303-308, 2016.
- REILLY OT, S. *et al.* Sex differences in white matter tracts of capuchin monkey brains. **Journal of Comparative Neurology**, v. 531, n. 11, p. 1096-1107, ago. 2023.
- RENGIFO, E. M. *et al.* A new species of titi monkey, genus *Cheracebus* Byrne *et al.*, 2016 (Primates: Pitheciidae), from Peruvian Amazonia. **Mammal Study**, v. 48, n. 1, p. 3-18, 2023.
- RITTER, M. *et al.* *Mansonella perstans* – the forgotten filaria. **Trends in Parasitology**, v. 41, n. 10, p. 909-921, 2025.
- RIVERA-MARTÍNEZ *et al.* Vírus em Simuliidae: uma revisão sistemática atualizada. **Life**, v. 15, n. 5, p. 807, 2025.
- ROBBINS, M. M.; ROBBINS, A. M. Variation in the social organization of gorillas. **Evolutionary Anthropology**, v. 27, p. 224-236, 2018.

- ROBINSON, J. G. Demography and group structure in wedge-capped capuchin monkeys, *Cebus olivaceus*. **Behaviour**, v. 104, n. 3-4, p. 202-232, 1988.
- ROMANO, A. P. M. Febre amarela. In: CUBAS, Z. S.; SILVA, J. C. R.; CATÃO-DIAS, J. L. (orgs.). **Tratado de animais selvagens: medicina veterinária**. 2. ed. São Paulo: Roca, v. 2, p. 1263-1281, 2014.
- ROMERO-ALVAREZ, D.; ESCOBAR, L. E. Oropouche fever, an emergent disease from the Americas. **Microbes and Infection**, v. 20, p. 1–12, 2017.
- ROSS, C. Life history patterns of new world monkeys. **International Journal of Primatology**, v. 12, n. 5, p. 481-502, 1991.
- RUDOLPHI, C. A. Entozoorum sive vermium intestinalium historia naturalis. v. 2, 457 p., 1809.
- RUPASINGHE, R.; CHOMEL, B. B.; MARTÍNEZ-LÓPEZ, B. Climate change and zoonoses: a review of the current status, knowledge gaps, and future trends. **Acta Tropica**, v. 226, 106225, 2022.
- RYLAND, A. B. *et al.* Species accounts of Cebidae. In: **Handbook of the mammals of the world**. v. 3. Barcelona: Lynx Edicions, p. 390-413, 2013.
- RYLAND, A. B.; MITTERMEIER, R. A. Family Cebidae (squirrel monkeys and capuchins). In: MITTERMEIER, R. A.; RYLAND, A. B.; WILSON, D. E. (eds.). **Handbook of the mammals of the world**. v. 3. Primates. Barcelona: Lynx Edicions, p. 348-413, 2013.
- SAÉZ, A. M. *et al.* Investigating the zoonotic origin of the West African Ebola epidemic. **EMBO Molecular Medicine**, v. 7, n. 1, p. 17–23, 2015
- SALVARANI, F. M. *et al.* The importance of studying infectious and parasitic diseases of wild animals in the Amazon biome with a focus on One Health. **Veterinary Sciences**, v. 12, n. 2, 100, 2025.
- SANDERS, C. J. *et al.* Influence of season and meteorological parameters on flight activity of *Culicoides* biting midges. **Journal of Applied Ecology**, v. 48, p. 1355-1364, 2011.
- SANTANA, M. S. *et al.* Molecular detection of filarioid nematodes (Nematoda: Onchocercidae) in wild mammals from different Brazilian biomes. **Parasitology**, p. 1–11, 2025. DOI: 10.1017/S0031182025101042.
- SAZMAND, A.; EIGNER, B.; MIRZAEI, M. Molecular identification and phylogenetic analysis of *Dipetalonema evansi* (Lewis, 1882) in camels (*Camelus dromedarius*) of Iran. **Parasitology Research**, v. 115, p. 1605-1610, 2016.
- SCHMID-HEMPEL, P. Sociality and parasite transmission. **Behavioral Ecology and Sociobiology**, v. 75, 156, 2021. DOI: 10.1007/s00265-021-03092-3.
- SHELLEY, A. J.; COSCARÓN, S. Simuliid Blackflies (Diptera: Simuliidae) and Ceratopogonid Midges (Diptera: Ceratopogonidae) as vectors of *Mansonella ozzardi* (Nematoda: Onchocercidae) in Northern Argentina. **Memórias do Instituto Oswaldo Cruz**, v. 96, n. 4, p. 451–458, 2001.
- SHOSTELL, J. M.; RUIZ-GARCÍA, M. An introduction to the biodiversity of the neotropical primates. In: RUIZ-GARCÍA, M.; SHOSTELL, J. M. (eds.). **Phylogeny, molecular**

population genetics, evolutionary biology and conservation of the neotropical primates. New York: Nova Science Publishers, p. 59-75, 2016.

SILVA JÚNIOR, C. H. L. *et al.* The Brazilian Amazon deforestation rate in 2020 is the greatest of the decade. **Nature Ecology & Evolution**, v. 5, p. 144-145, 2021.

SILVA JÚNIOR, J. S. Especiação nos macacos-prego e caiararas, gênero *Cebus* Erxleben, 1777 (Primates, Cebidae). 2001. 377 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2001.

SILVA, F. E. *et al.* Molecular phylogeny and systematics of bald uakaris, genus *Cacajao* Lesson, 1840 (Primates: Pitheciidae), with the description of a new species. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 173, 107509, 2022.

SILVESTRO, D. *et al.* Early arrival and climatically-linked geographic expansion of New World monkeys from tiny African ancestors. **Systematic Biology**, 2019.

SIMONSEN, P. E.; ONAPA, A. W.; ASIO, S. M. *Mansonella perstans* filariasis in Africa. **Acta Tropica**, v. 120, supl. 1, p. S109-S120, 2011.

SOUVIGNET, T. *et al.* **EAZA best practice guidelines for capuchin monkeys (*Sapajus* and *Cebus* sp.)**. 1. ed. Amsterdam: European Association of Zoos and Aquaria, 2019.

SOUZA, V. K. de *et al.* Emergence of *Mansonella* sp. in free-ranging primates in southern Brazil. **Primates**, v. 64, p. 153-159, 2023.

SPRINGER, M. S. *et al.* Macroevolutionary dynamics and historical biogeography of primate diversification inferred from a species supermatrix. **PLoS ONE**, v. 7, n. 11, e49521, 2012.

STEVENSON, P. R.; QUIÑONES, M. J.; AHUMADA, J. A. Influence of fruit availability on ecological overlap among four Neotropical primates at Tinigua National Park, Colombia. **Biotropica**, v. 32, p. 533-544, 2000.

STRAIT, K. S.; ELSE, J. G.; EBERHARD, M. L. Parasitic diseases of nonhuman primates. In: ABEE, C. R.; MANSFIELD, K.; TARDIF, S.; MORRIS, T. (eds.) **Nonhuman primates in biomedical research: diseases**. 2. ed. San Diego: Academic Press, 2012. p. 197–297. DOI: 10.1016/B978-0-12-381366-4.00004-3.

STRÜDER-KYPKE, M. C.; LYNN, D. H. Comparative analysis of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene in ciliates (Alveolata, Ciliophora) and evaluation of its suitability as a biodiversity marker. **Systematics and Biodiversity**, v. 8, p. 131-148, 2010.

TAKKEN, Willem; VERHULST, Niels O. Host preferences of blood-feeding mosquitoes. **Annual Review of Entomology**, v. 58, p. 433–453, 2013. DOI: 10.1146/annurev-ento-120811-153618.

TAMURA, K. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G + C-content biases. **Molecular Biology and Evolution**, v. 9, p. 678-687, 1992.

TA-TANG, T. H. *et al.* Mansonellosis: current perspectives. **Research and Reports in Tropical Medicine**, v. 9, p. 9-24, 2018. DOI: 10.2147/RRTM.S12575.

TAVARES DA SILVA, L. B. *et al.* Molecular verification of new world *Mansonella perstans* parasitemias. **Emerging Infectious Diseases**, v. 23, n. 3, p. 545-547, 2017. DOI: 10.3201/eid2303.161159.

- TAYLOR, L. H.; LATHAM, S. M.; WOOLHOUSE, M. E. Risk factors for human disease emergence. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, v. 356, n. 1411, p. 983–989, 2001.
- THOMPSON, R. C. Parasite zoonoses and wildlife: One Health, spillover and human activity. **International Journal for Parasitology**, v. 43, n. 12–13, p. 1079–1088, 2013
- THONGSRIPONG, P. et al. Mosquito vector diversity across habitats in Central Thailand endemic for dengue and other arthropod-borne diseases. **PLoS Neglected Tropical Diseases**, v. 7, n. 10, e2507, 2013
- TRAVI, B. L.; EBERHARD, M. L.; LOWRIE JUNIOR, R. C. Development of *Dipetalonema gracile* in the squirrel monkey (*Saimiri sciureus*), with notes on its biology. **Journal of Parasitology**, v. 71, p. 17–19, 1985.
- TRIVEDI, S. et al. Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: an update. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 23, p. 161–171, 2016.
- VANDERHOEVEN, E.; NOTARNICOLA, J.; AGOSTINI, I. First record of *Dipetalonema robini* Petit, Bain & Roussilhon 1985 (Nematoda: Onchocercidae) parasitizing *Sapajus nigritus* in northeastern Argentina. **Mastozoología Neotropical**, v. 24, n. 2, p. 483-488, 2017.
- VERMEER, J.; TELLO-ALVARADO, J. C. The distribution and taxonomy of titi monkeys (*Callicebus*) in central and southern Peru, with the description of a new species. **Primate Conservation**, n. 29, p. 9-29, 2015.
- WEBSTER-MARKETON, J. I.; GLASER, R. Stress hormones and immune function. **Cellular Immunology**, v. 252, p. 16-26, 2008.
- WERNNER, D. et al. Breeding habitat preferences of major *Culicoides* species (Diptera). **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 17, n. 14, 2020.
- WESOŁOWSKA, A. Sex—the most underappreciated variable in research: insights from helminth-infected hosts. **Veterinary Research**, v. 53, 94, 2022.
- WILSON, T. M. et al. Pathology and One Health implications of fatal *Leptospira interrogans* infection in an urbanized, free-ranging, black-tufted marmoset (*Callithrix penicillata*) in Brazil. **Transboundary and Emerging Diseases**, v. 68, n. 6, p. 3207-3216, 2021.
- WINCK, G. R. et al. Socioecological vulnerability and the risk of zoonotic disease emergence in Brazil. **Science Advances**, v. 8, eabo5774, 2022.
- WIRTH, W. W.; BLANTON, F. S. A review of the maruins or biting midges of the genus *Culicoides* (Diptera: Ceratopogonidae) in the Amazon Basin. **Amazoniana**, v. 4, n. 4, p. 405-470, 1973.
- WRANGHAM, R. W. The significance of African apes for reconstructing human social evolution. In: **The evolution of human behavior: primate models**. p. 51-71, 1987.
- YANG, L.; TAN, Z.; WANG, D.; XUE, L.; GUAN, M. X.; HUANG, T.; et al. Species identification through mitochondrial rRNA genetic analysis. **Scientific Reports**, v. 4, p. 4089, 2014.
- YOUNG, H et al. Does habitat disturbance increase infectious disease risk for primates? **Ecology Letters**, v. 16, p. 656–663, 2013.

ZÁRATE-RENDÓN, D. A. *et al.* Molecular characterization of *Dipetalonema yatesi* from the black-faced spider monkey (*Ateles chamek*) with phylogenetic inference of relationships among *Dipetalonema* of Neotropical primates. **International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife**, v. 17, p. 152-157, 2022.