

## FILOGENIA MOLECULAR DO GENE 18S rRNA DE MICROPARASITOS PERTENCENTES AO GÊNERO *Hoferellus* (MYXOZOA, CNIDARIA)

Nanciely Patricia Da Silva Pereira<sup>1</sup>; Fernando Nunes da Silva Junior<sup>2</sup> Diehgo Tuloza da Silva<sup>3</sup>;  
Aline Medeiros Lima<sup>4</sup>

1. Nanciely Patricia Da Silva Pereira, Bolsista PIBIC (CNPq), Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu e-mail: nancielypatricia6@gmail.com; Fernando Nunes da Silva Junior, Bolsista PIBIC (FAPESPA), 2. Graduando em Ciências Biológicas, pela Universidade Federal Rural da Amazônia, e-mail: fernandonunes98@gmail.com 3. Diehgo Tuloza da Silva Pesquisador Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Capanema, diehgo.silva@ufra.edu.br; 4. Aline Medeiros Lima Orientadora, Universidade Federal Rural da Amazônia, Campus Tomé-Açu, [aline.lima@ufra.edu.br](mailto:aline.lima@ufra.edu.br).

### RESUMO:

Esta pesquisa foca na análise molecular de sequências do gene 18S rRNA de parasitos do gênero *Hoferellus* (Myxozoa, Cnidaria) conhecidos por infectarem o sistema excretor de peixes e causarem prejuízos econômicos, especialmente em espécies comerciais. A identificação de espécies do gênero *Hoferellus* spp. na região amazônica utiliza técnicas de microscopia, porém a utilização do gene 18S rRNA na etapa de identificação de novas espécies pode ampliar a compreensão da diversidade parasitária. Assim, a caracterização do gene 18S rRNA é essencial para identificar regiões conservadas e variáveis, ajudando a entender melhor as relações evolutivas desses parasitos. Os métodos moleculares, especialmente o sequenciamento de DNA, têm sido eficazes na taxonomia, oferecendo uma alternativa mais precisa em comparação com a identificação morfológica. Essa abordagem aumentou significativamente a identificação de espécies na Amazônia, que possui uma rica diversidade. Contudo, ainda há subnotificação de algumas espécies, reforçando a importância de estudos que combinem métodos moleculares e taxonômicos para explorar a biodiversidade. Para a realização deste estudo, foi efetuada uma pesquisa na plataforma do National Center for Biotechnology Information (NCBI) na aba de busca *Nucleotide* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) por sequências nucleotídicas do gene 18S rRNA, utilizando a palavra-chave "*Hoferellus*" e aplicando os filtros de localização "amazônicos", "Brazil" e "Brasil". Após a triagem das sequências, foram selecionadas oito sequências de isolados do gênero *Hoferellus*, incluindo espécies como *Hoferellus carassii*, *Hoferellus cyprini*, *Hoferellus anurae* e *Hoferellus gnathonemi*. As sequências foram analisadas no software BioEdit, garantindo alinhamento e qualidade dos dados. Em seguida, uma árvore filogenética foi construída no software MEGA X, utilizando o método de Neighbor Joining com 1000 replicatas de bootstrap para validar a robustez das relações evolutivas. Os resultados revelaram uma estrutura filogenética que demonstra a proximidade e a divergência evolutiva entre os diferentes isolados do gênero *Hoferellus*. Por exemplo, *Hoferellus carassii* e *Hoferellus cyprini* apresentaram uma relação próxima, enquanto *Hoferellus azevedoi* e *Hoferellus* sp. INPA 69 mostraram-se mais distantes, indicando uma maior divergência evolutiva. A disposição das espécies na árvore filogenética oferece uma representação visual de suas relações evolutivas: espécies próximas indicam uma relação genética mais recente, enquanto as mais distantes sugerem uma separação evolutiva mais antiga. Este estudo contribui para o avanço do conhecimento sobre a diversidade genética e evolução dos mixozoários do gênero *Hoferellus*, bem como para o desenvolvimento de estratégias de manejo e conservação das populações de peixes na Amazônia.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Hoferellus*; 18S rRNA; Filogenia