RESUMO - HELMINTOLOGIA

REGISTRO DE ESPÉCIES DO GÊNERO ENCOTYLLABE DIESING, 1850 (MONOPISTHOCOTYLEA: CAPSALIDAE) EM PEIXES MARINHOS DA AMÉRICA DO SUL

Arthur Bessi Machado (bessiarthur@gmail.com)

Taíssa Barcelos Casanova Da Silva (taissabarcelosc@gmail.com)

Débora Sá Lemes (deboralemes.dl@gmail.com)

Bruno De Oliveira Telles Ferreira (botferreira@gmail.com)

Francisco Luidi Mota Marques De Pinho (luidi@ufrrj.br)

Jhon Darly Chero (jcherod@unmsm.edu.pe)

Raquel De Oliveira Simoes (raquel83vet@gmail.com)

José Luis Fernando Luque Alejos (luqueufrrj@gmail.com)

Encotyllabe Diesing, 1850 (Capsalidea) é um gênero de parasitos de peixes marinhos, caracterizado principalmente pela presença de ventosas extrabucais circundadas por membrana, um háptor pedunculado asseptado, e dois pares de âncoras e 14 ganchos marginais. Atualmente, o gênero compreende 20 espécies válidas, altamente específicas. O presente estudo tem como objetivo registrar a ocorrência de espécies de Encotyllabe em peixes marinhos do Brasil

e do Peru, com base em análises morfológicas e moleculares preliminares. Quatro espécies de peixes foram obtidas de pescadores artesanais: Micropogonias furnieri (Desmarest, 1823), do litoral sudeste do Brasil (oceano Atlântico), e Cheilotrema fasciatum Tschudi, 1846, Anisotremus interruptus (Gill, 1862), e Pseudobalistes naufragium (Jordan & Starks, 1895), do litoral noroeste do Peru (oceano Pacífico). Os hospedeiros foram necropsiados e os parasitos coletados foram fixados em etanol 70° para análise morfológica e etanol absoluto para processamento molecular. Os espécimes foram inicialmente analisados morfologicamente por microscopia óptica, permitindo sua identificação em nível de gênero. Adicionalmente, um exemplar de cada morfotipo foi submetido à análise molecular, na qual o DNA genômico foi extraído, amplificado com marcador ribossomal (primers C1 e D2), purificado e sequenciado. As sequências foram editadas no software Geneious, alinhadas com dados disponíveis no GenBank e analisadas por máxima verossimilhança no MEGA (modelo Tamura 3-parâmetros com sítios invariáveis) e por inferência Bayesiana no Geneious, sendo também estimadas as distâncias genéticas. A matriz final incluiu 16 táxons e 934 caracteres. As análises moleculares recuperaram Encotyllabe como um grupo monofilético e confirmaram a alocação genérica dos espécimes analisados. Os isolados obtidos apresentaram posicionamentos filogenéticos distintos em relação a espécies previamente descritas, formando agrupamentos com diferentes linhagens do gênero. Os resultados ampliam o conhecimento sobre a distribuição geográfica de Encotyllabe e representam os primeiros registros do gênero em M. furnieri, C. fasciatum, A. interruptus e P. naufragium. As diferenças observadas, tanto morfológicas quanto moleculares, sugerem a existência de uma biodiversidade específica ainda não completamente caracterizada. No entanto, a delimitação taxonômica desses organismos requer análises adicionais, incluindo o uso de marcadores complementares e estudos morfológicos detalhados.

Palavras-chave: taxonomia integrativa; ictioparasitologia; biodiversidade; 28s rdna.