



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE BRAGANÇA
INSTITUTO DE ESTUDOS COSTEIROS
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

IASMIN LUIZA MUFARREJ DE SOUZA

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES)
PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008
(SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.**

BRAGANÇA/PA

2025

IASMIN LUIZA MUFARREJ DE SOUZA

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES)
PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008
(SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Ciências Biológicas da Universidade
Federal do Pará – UFPA, Campus Universitário de
Bragança como requisito final para obtenção de título
de licenciada pelo curso de Licenciatura Plena em
Ciências Biológicas.

Orientador: Prof. Dr. Marcus Vinícius Domingues

Coorientador: Dr. Geusivam Barbosa Soares

BRAGANÇA/PA

2025

TERMO DE APROVAÇÃO

IASMIN LUIZA MUFARREJ DE SOUZA

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES)
PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008
(SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Ciências Biológicas da Universidade
Federal do Pará – UFPA, *Campus* Universitário de
Bragança como requisito final para obtenção de título
de licenciada pelo curso de Licenciatura Plena em
Ciências Biológicas.

Banca Examinadora

Prof. Dr. Marcus Vinícius Domingues (Orientador)
Universidade Federal do Pará – *Campus* Universitário de Bragança

Allan Rodrigues Oliveira, Dr.
Instituto Federal do Pará, *Campus* Bragança

Ailson Nunes Sales, M. Sc.
Universidade Federal do Pará – *Campus* Universitário de Bragança

EPÍGRAFE

“As raízes do estudo são amargas, mas seus
frutos são doces.”

Aristóteles

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos familiares e amigos,
em especial, meus pais, Helder Souza e Mônica
Mufarrej, e minha irmã Ingrid Mufarrej.

Amo vocês!!

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pela força, saúde e sabedoria para enfrentar todos os desafios que surgiram ao longo dessa jornada.

Aos meus familiares, que sempre estiveram ao meu lado, me oferecendo apoio incondicional e incentivo para seguir nessa caminhada. Ao meu pai, Helder Souza, por sempre acreditar em mim, por todo o seu esforço e dedicação, pelos abraços, conversas; à minha mãe, Mônica Mufarrej, por ter sido meu porto-seguro nos momentos em que mais precisei e me ajudar a seguir firme nessa jornada; e à minha irmã, Ingrid Mufarrej, pelas inúmeras vezes em que acalmou, pela compreensão e palavras de incentivo.

Aos amigos que estiveram comigo, mesmo na distância, me acompanhando nessa fase tão importante. Em especial, agradeço a Letícia Queiroz, pelas conversas, risadas e conselhos; e a Gabrielly Harumi e Thassyla Bianca por estarem presentes em minha vida desde o ensino médio e compartilharem tantos momentos especiais ao meu lado em todos esses anos.

A todos os professores do curso, que compartilharam seus conhecimentos e experiências, contribuindo para a minha formação acadêmica, no âmbito profissional e pessoal.

Agradeço ao meu orientador Prof. Dr. Marcus Vinícius Domingues por todos os ensinamentos, paciência e confiança depositada para a realização deste trabalho e ao meu coorientador Dr. Geusivam Barbosa Soares, por toda orientação durante o processo. A prof. Dr^a. Janice Muriel Cunha, pelos momentos de conversas e incentivos ao longo desse processo.

Agradeço a Universidade Federal do Pará (UFPA) e ao Instituto de Estudos Costeiros (IECOS) por oferecerem toda estrutura e suporte necessário para o desenvolvimento e conclusão deste trabalho. Agradeço, também, à Estação Multiusuário de Registro de Imagens Microscópicas (EMULTIMAGEM) do IECOS-UFPA pela disponibilidade dos equipamentos ópticos de microscopia necessários para os estudos. Agradeço a Bio20, por todos esses anos compartilhando desafios.

Agradeço também a todos os componentes do Laboratório de Sistemática e Coevolução (LASCO) por toda ajuda nos desafios, conversas e pela amizade em todos esses anos de pesquisa: Sabrina Branchi, Ailson Nunes, Rosa Yasmin, Livia Borges e Thiago.

Aos amigos que fiz na Universidade e dividiram a vida comigo em Bragança, em especial, Beatriz Oliveira, Júlia Brito, Vinícius Cunha, Mônica Andressa, Dhayna Cilene, Heloíse Reis, Marcos Brito. Cada um contribuiu de forma única e especial, tornando essa jornada mais leve e feliz. Vou para sempre levar vocês em meu coração.

Por fim, agradeço a todos que contribuíram para a realização deste trabalho.

RESUMO GERAL

Este documento é dividido em duas partes. A primeira parte é composta de uma introdução geral onde é apresentada uma breve contextualização sobre a diversidade de peixes de águas continentais da América do Sul com enfoque para a diversidade de peixes da bacia Amazônica. Também é tratada da diversidade parasitológica de peixes, mais especificadamente a diversidade de parasitos da classe Monogenoidea (Platyhelminthes) para peixes siluriformes da família Doradidae. A seguir, são apresentados os objetivos e metodologia geral utilizada para a obtenção dos resultados que culminou com a elaboração de um artigo, que será submetido posteriormente para a publicação. No **Capítulo 1**, uma nova espécie de monogênóideo pertencente ao gênero *Vancleaveus* parasito das brânquias do doradídeos, *Doras higuchii* para rios da bacia do rio Xingú, Pará, Brasil. Também, uma hipótese filogenética é apresentada, a partir de dados moleculares.

RESUMO

A região Neotropical abriga a maior diversidade de peixes de água doce do mundo, com destaque para a bacia Amazônica. Dentre os peixes amazônicos da ordem Siluriformes, a família Doradidae se destaca, tanto pela sua diversidade (cerca de 95 espécies válidas) como por sua importância para a pesca comercial e aquarioria. Com relação a parasitofauna associada a estes peixes, os platelmintos parasitos da classe Monogenoidea se destacam por representam o grupo mais diverso com 23 espécies conhecidas. Todavia, o nosso conhecimento sobre esta diversidade ainda é limitada, pois apenas onze espécies de doradídeos foram investigadas até o presente em busca de seus monogenóides. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo inventariar a diversidade de Monogenoidea do doradídeo *Doras higuchi* Sabaj Pérez & Birindelli, 2008 do rio Xingú. Como resultado deste trabalho, uma nova espécie é descrita para as drenagens do rio Xingú, com base em análises morfológicas e moleculares.

Palavras-chave: Parasito. Monogenoidea. Doradidae. Taxonomia.

ABSTRACT

The Neotropical region is distinguished by its unparalleled diversity of freshwater fish, particularly within the Amazon basin. Notably, the Doradidae family, part of the Siluriformes order, exhibits significant diversity, encompassing approximately 95 valid species, and holds considerable importance for both commercial fisheries and the aquarium trade. Among the parasitic fauna associated with these fish, the platyhelminths of the Monogenoidea class are particularly noteworthy, as they represent the most diverse group, with 23 known species. However, our understanding of this diversity is still limited, as only eleven species of doradids have undergone investigation for their monogenoidean parasites. This study aims to provide a comprehensive inventory of Monogenoidea diversity in the doradid species *Doras higuchi* Sabaj Pérez and Birindelli, 2008, from the Xingú River. The findings of this research resulted in the identification of a new species specific to the drainages of the Xingú River, based on a combination of morphological and molecular analyses.

Keywords: Parasite. Monogenoids. Doradidae. Taxonomy.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO GERAL	13
1.1 Introdução	13
2. Objetivos.....	18
2.1 Objetivos específicos.....	18
3. MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1 Área de estudo	18
3.1 Caracterização da área de estudo	19
3.2 Processos em campo e laboratório	20
3.3 Análise molecular	20
3.4 Análises filogenéticas	21
REFERÊNCIAS	22

CAPÍTULO I. TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES) PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008 (SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.

RESUMO	30
INTRODUÇÃO	30
MATERIAIS E MÉTODO.....	32
RESULTADOS	35
DISCUSSÃO	42
CONCLUSÃO	44
REFERÊNCIAS.....	44

LISTA DE FIGURAS

INTRODUÇÃO GERAL

Figura 1. <i>Doras higuchii</i> do Rio Xingu, Brazil	14
Figura 2. Ciclo de vida monoxênico de um monogenóideo	15

CAPÍTULO I. TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES) PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008 (SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.

Figura 1. <i>Vancleaveus</i> sp. n.	38
Figura 2. Filogenia molecular de Dactylogyridae	41

LISTA DE TABELAS

INTRODUÇÃO GERAL

Tabela 01. Diversidade de monogenóideos parasitos de Doradidae	16
---	----

CAPÍTULO I. TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES) PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI, 2008 (SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.

Tabela 01. Diversidade de monogenóideos parasitos de Doradidae.....	31
--	----

Tabela 02. Medidas (µm) de <i>Vancleaveus</i> sp. n.....	39
---	----

Tabela 03. Identidades genéticas pareadas de sequências de 28S rDNA	42
--	----

1. INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Introdução

A região Neotropical é conhecida pela sua grande diversidade de peixes, comportando o maior número de espécies de peixes dulcícolas do mundo (REIS et al., 2016), sendo que a América do Sul se destaca com aproximadamente 5.750 espécies conhecidas (CASSEMIRO et al., 2023). Desta diversidade, 47% são reportadas para a bacia Amazônica sendo que das espécies conhecidas, 1.696 são endêmicas com 529 gêneros, 60 famílias e 18 ordens (DAGOSTA e PINNA, 2019). Esta rica ictiofauna, assim como seus aspectos ecológicos, está fortemente relacionada com a dinâmica ambiental local, como a variação sazonal do nível de água dos rios, alta heterogeneidade ambiental, produtividade, dentre outras variáveis físico-químicas da água (VANNOTE et al. 1980; JUNK et al. 1989; FREITAS et al. 2010). Essa combinação de fatores geológicos, ecológicos e evolutivos foram os responsáveis por criar esse ambiente único que favorece a diversificação e o endemismo das espécies de peixes.

Dentre os peixes que habitam a bacia amazônica, os peixes Siluriformes destacam-se por ser o segundo grupo mais diverso com 956 espécies (DAGOSTA e PINNA, 2019). Eles são conhecidos coletivamente como bagres e são um grupo de grande interesse comercial, sendo que na Amazônia, por exemplo, representam metade da produção pesqueira (BARTHEM e FABRÉ, 2004).

Os siluriformes da família Doradidae formam um grupo monofilético e são representados por aproximadamente 95 espécies válidas, distribuídas em 33 gêneros e seis subfamílias (Doradinae, Astrodoradinae, Rhinodoradinae, Wertheimerinae, Agamyxinae e Acanthodoradinae) (SABAJ e ARCE, 2021; BÁNKI et al., 2025). Dessa diversidade, ~75% são registradas para a bacia Amazônica, com destaque para a bacia do rio Xingú onde encontramos cerca de 26% das espécies (DAGOSTA e PINNA, 2019).

Os doradídeos são popularmente conhecidos como bagres falantes ou espinhosos e são muito apreciados pelos aquaristas e na pesca (NELSON, GRANDE e WILSON, 2016). Algumas espécies, como *Pterodoras* Bleeker, 1862 e *Megalodoras* Eigenmann, 1925 possuem valor econômico devido à comercialização para consumo, e outras espécies, como de *Acanthodoras* Bleeker, 1862, *Amblyodoras* Bleeker, 1862 e *Platyodoras* Bleeker, 1862, são utilizadas em aquariofilia (REIS et al., 2003)

As espécies de Doradidae são facilmente distinguidos entre os bagres por terem uma única fileira de placas medianas laterais, cada uma geralmente com um único espinho orientado posteriormente. A quantidade, formato e a ornamentação dessas placas são extremamente variados e constituem-se num importante caráter diagnóstico para gêneros e, em alguns casos, até mesmo espécies. (BIRINDELLI, 2014; SILVA, 2004). O tamanho pode variar entre as espécies, de aproximadamente quatro centímetros no gênero *Physopyxis* Cope, 1871 a meio metro nos *Oxydoras* Kner, 1855 (HIGUCHI, 1992). Os doradídeos geralmente ocupam habitats bentônicos em lagos e rios de terras baixas, embora alguns táxons frequentem habitats pelágicos, como *Nemadoras hemipeltis* (Eigenmann, 1925) e *Pterodoras* Bleeker, 1862. Muitas das espécies menores são peculiares às planícies de inundação e ocupam riachos lentos e margens de rios durante a estação de águas baixas (SABAJ e ARCE, 2021). A espécie *Doras higuchii* Sabaj Pérez & Birindelli, 2008 (Siluriformes: Doradidae) (Figura 1), conhecida popularmente como botinho, é amplamente distribuída nos tributários do baixo rio Amazonas e pode atingir cerca de 32 cm de comprimento (SABAJ PÉREZ & BIRINDELLI 2008; GIARRIZZO et al., 2015). Atualmente ainda existe uma lacuna com relação a informações da biologia de *Doras higuchii*, a cerca de seu comportamento, reprodução e principalmente de sua parasitofauna.



Figura 1. *Doras higuchii* do Rio Xingu, Brazil. Barra de escala é igual a 1 cm. Fotos por M. Sabaj Pérez. Fonte: Sabaj Pérez e Birindelli (2008).

O conhecimento sobre a parasitofauna para Doradidae é limitado, pois apenas ~12% do total de espécies de doradídeos foram investigados em busca de seus parasitos metazoários. 45 espécies de parasitos foram encontradas infectando estes hospedeiros (2 Acanthocephala, 1 Crustacea, 12 Nematoda, 23 Monogenoidea, 9 Trematoda e 1 Cestoda). Desta diversidade, os platelmintos da Classe Monogenoidea se destacam com aproximadamente 51% (SOARES et

al., 2018; FERONATO et al., 2022; MENDOZA-PALMERO et al., 2022; de SOUZA SILVA, 2023) (tabela 1).

Os membros da classe Monogenoidea¹ Bychowsky, 1937 são ectoparasitas obrigatórios de peixes marinhos, salobros e de água doce, anfíbios e quelônios. (TAVARES et al., 2022). Os monogenóideos representam o grupo mais diverso de parasitas de peixes da América do Sul (LUQUE et al., 2016). São organismos hermafroditas e apresentam um ciclo de vida direto, ou seja, necessitam de apenas um hospedeiro para completar seu ciclo de vida (HOIA, 2020) (Figura 2). Uma das principais características dessa classe é sua alta especificidade parasitária, já que muitas das espécies conhecidas são registradas em apenas um único hospedeiro. Em sua grande maioria, se fixam na superfície do corpo do hospedeiro ou nas brânquias. No entanto, um número pequeno de espécies pode localizar-se no estômago, cavidade visceral, ovidutos e canais urinários de seus hospedeiros. O órgão responsável por essa fixação é denominado “háptor”, composto por diferentes combinações de ganchos, barras, âncoras e grampos. (BOEGER e VIANNA, 2006).

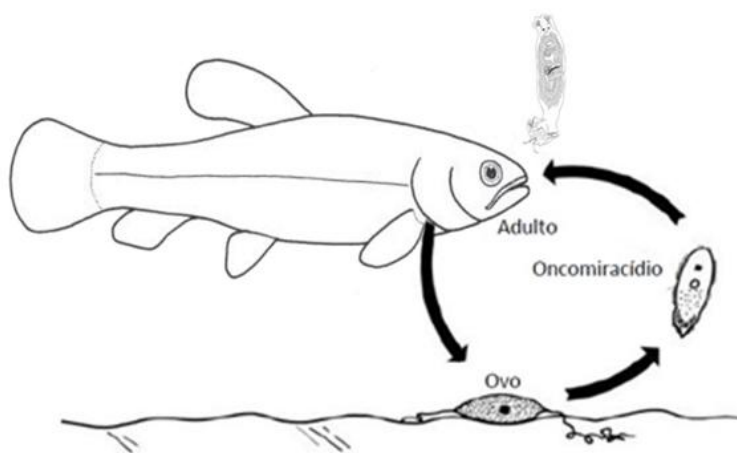


Figura 2. Ciclo de vida monoxênico de um monogenóideo modificado de Rohde (2005).

Sobre a diversidade de monogenóideos de siluriformes da família Doradidae, apenas onze espécies de doradídeos foram investigadas em busca de seus parasitos monogenóideos (*Franciscodoras marmoratus* Lütken, 1874; *Pterodoras granulosus* Valenciennes, 1921;

¹ Brabec et al. (2023) propõem o fim da classe tradicionalmente reconhecida Monogenoidea (=Monogenea) e a promoção de suas duas subclasses ao nível de classe como nova classe Monopisthocotyla e nova classe Polyopisthocotyla. Todavia, como não há consenso sobre esta decisão taxonômica, aqui é mantido o grupo como Monogenoidea.

Oxydoras niger Valenciennes, 1821; *Hassar orestis* Steindachner, 1875; *Trachydoras paraguayensis* Eigenmann & Ward, 1907; *Platydoras brachylecis* Piorski et al., 2008; *Hassar affinis* Fayal & Wosiacki, 2011; *Hassar gabiru* Fayal & Wosiacki, 2011; *Anadoras grypus* Cope, 1872; *Nemadoras hemipeltis* (Eigenmann); *Megalodorus uranoscopus* (Eigenmann & Eigenmann) (COHEN et al. 2013, MENDOZA-FRANCO et al. 2016, ACOSTA et al. 2018; SOARES, NETO e DOMINGUES, 2018; MOREY, ROJAS e CACHIQUE, 2022; FERONATO et al. 2022; JUSTO, de OLIVEIRA MARTINS e COHEN, 2023). Para esses hospedeiros são conhecidas espécies do gênero *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986; *Vancleaveus* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 e *Unibarra* Suriano & Incorvaia, 1995 (Tabela 1). O fato de ter poucas espécies de doradídeos estudados demonstra o potencial da existência de uma diversidade de monogenóides até então desconhecida para este grupo de hospedeiros. Desse modo, uma abordagem que combine diferentes tipos de dados, pode ajudar nas descrições de novas espécies.

Tabela 01. Diversidade de monogenóides parasitos de Doradidae.

Parasito	Hospedeiro
<i>Cosmetocleithrum akuanduba</i> Soares, Santos-Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar affinis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>
	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum basicomplexum</i> Silva et al., 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum bifurcum</i> Mendoza-Franco, Mendoza-Palmero & Scholz, 2016	<i>Hassar gabiru</i>
<i>Cosmetocleithrum trachydorasi</i> (Acosta et al., 2018) Cohen et al., 2020	<i>Trachydoras paraguayensis</i>
<i>Cosmetocleithrum gigas</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum falsunilatum</i> Feronato et al. 2022	<i>Megalodorus uranoscopus</i>
<i>Cosmetocleithrum brachylecis</i> Silva et al., 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>
<i>Cosmetocleithrum bulbocirrus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Pterodoras granulosus</i>
<i>Cosmetocleithrum confusus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum gussevi</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum leandroi</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar affinis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>

<i>Cosmetocleithrum ludovicense</i> Silva et al., 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>
<i>Cosmetocleithrum parvum</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum phryctophallus</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum rarum</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum sacciforme</i> Silva et al., 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum sobrinus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum tortum</i> Mendoza-Franco, Mendoza-Palmero & Scholz, 2016	<i>Nemadoras hemipeltis</i>
<i>Cosmetocleithrum infinitum</i> Morey, Rojas e Cachique, 2022	<i>Anadoras grypus</i>
<i>Cosmetocleithrum undulatum</i> Silva et al., 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>
<i>Unibarra juruaensis</i> Justo, Martins & Cohen, 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Vancleaveus cicinnus</i> Santos e Brasil-Sato (2006)	<i>Franciscodoras marmoratus</i>
<i>Vancleaveus janauacaensis</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Pterodoras granulatus</i>
<i>Vancleaveus klasseni</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar orestis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>

Nesse sentido, a taxonomia integrativa, que combina informações obtidas por meio de diversas metodologias, como análises de sequenciamento genético e estudos de características morfológicas, tem desempenhado um papel crucial na distinção precisa de espécies de Monogenoidea (ACOSTA et al., 2017; SOARES et al., 2021; AGUIAR et al., 2022; MENDOZA-PALMERO et al., 2022). Ao longo das últimas décadas, essa abordagem integrativa tem se mostrado essencial para aprimorar a classificação de espécies, além de contribuir para a compreensão das relações evolutivas entre parasitas monogenóides que infectam, principalmente, peixes siluriformes neotropicais (FRANCESCHINI et al., 2018, 2020; ACOSTA et al., 2017, 2019; SOARES et al., 2021, 2023a, b; MENDOZA-PALMERO et al., 2022; ZAGO et al., 2020). No contexto das relações filogenéticas dessas linhagens, estudos moleculares recentes utilizando sequências do gene 28S rDNA demonstram que os dactilogirídeos que infectam bagres não formam um grupo monofilético exclusivo. Em particular, o gênero *Vancleaveus* foi identificado dentro de um clado agrupando-se com gêneros como *Ameloblastella* e *Unibarra*, e não exclusivamente com outros parasitos de siluriformes doradídeos (MENDOZA-PALMERO, BLASCO-COSTA e SCHOLZ, 2015). Dessa forma, a taxonomia integrativa desempenha um papel fundamental na classificação e compreensão das relações evolutivas desses parasitos com a integração de dados genéticos e morfológicos.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

O presente trabalho visa inventariar a diversidade de Monogenoidea associada ao doradídeo *Doras higuchi* do rio Xingú, utilizando uma abordagem integrativa, combinando dados morfológicos e moleculares. Também, pretende-se aqui avaliar a composição parasitária de forma qualitativa e quantitativa do Rio Xingú, Pará, Brasil.

2.2 Objetivos específicos

I - Descrever e/ou redescrever espécies de parasitos monogenóideos de *Doras Higuchi*.

II – Realizar análises filogenéticas baseadas em dados moleculares que contribuam para o entendimento acerca das relações evolutivas entre as espécies de Monogenoidea parasitos de doradídeos com as demais espécies de monogenóideos de águas continentais Neotropicais.

3. MATERIAIS E METÓDOS

3.1 Área de estudo

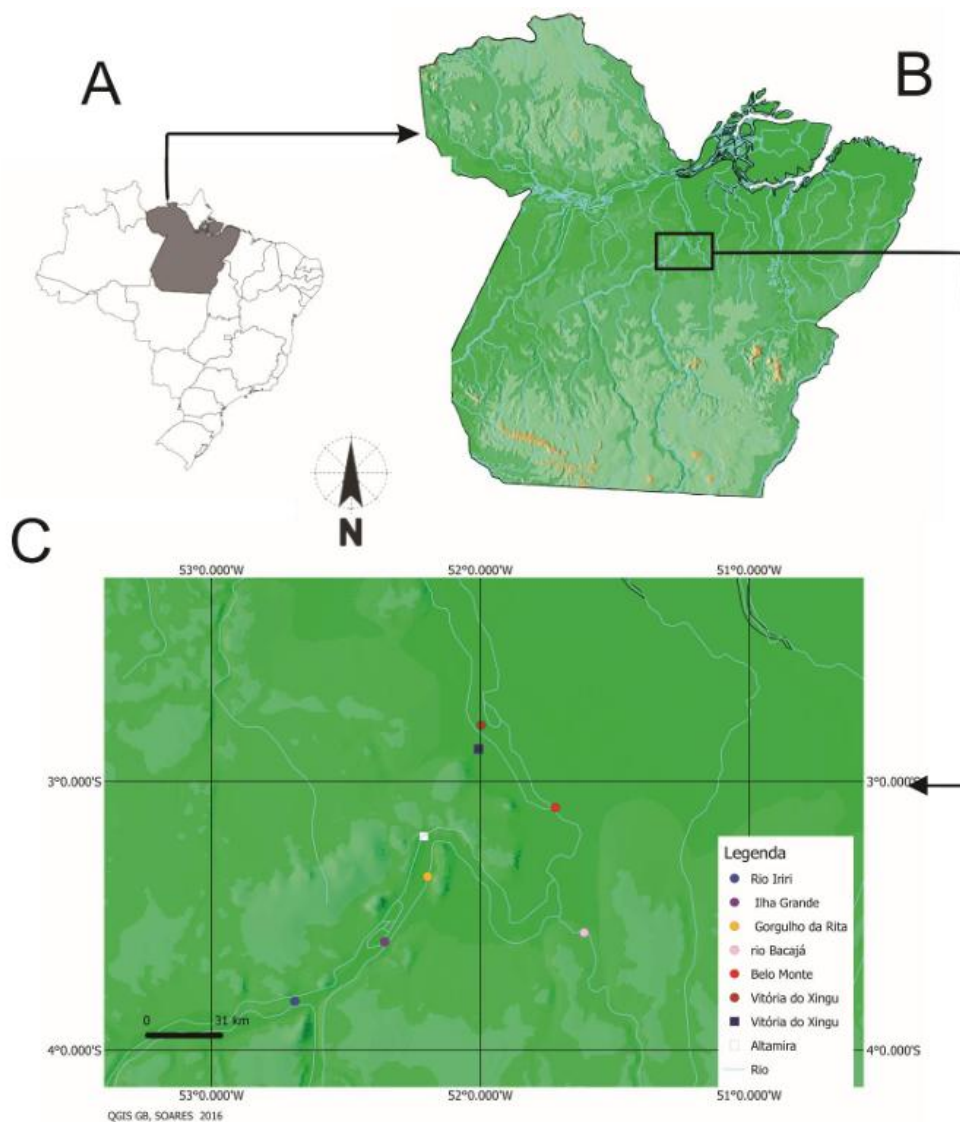


Figura 3. Mapa da área de estudo; A) Brasil; B) Estado do Pará e C) Bacia do rio Xingú. Os Quadrados, são cidades; Os Pontos em amarelo e rosa, são sítios de amostragem. Fonte: Geusivam B. Soares, 2016.

Vinte e cinco espécimes de peixes da espécie *Doras higuchii* foram capturados na bacia do rio Xingú nos meses de abril (i.e. período de cheia) e outubro (i.e., período de estiagem) de 2015 e os pontos de coleta incluíram os seguintes rios, juntamente com suas respectivas coordenadas geográficas: Gorgulho da Rita - rio Xingú - Altamira (03°21'15,7''S 52°11'47,5''W); rio Bacajá – Altamira (03°33'47,1''S 51°36'50,3''W).

3.2 Caracterização da área de estudo

O Rio Xingu é considerado um dos mais importantes rios da bacia hidrográfica amazônica e é classificado como rio de água clara pobre em sedimento, o que confere boa

transparência às suas águas, podendo, entretanto, em alguns de seus trechos, ser rico em matéria dissolvida (NUNES-GUTJAHR e BRAGA, 2015). Uma série de eventos geológicos ocorreram do alto ao baixo estuário do Xingu, o que levou à formação de inúmeras cachoeiras e corredeiras. Essas características da paisagem favoreceram a biodiversidade e influenciaram muito os padrões de distribuição da fauna aquática (CAMARGO E GHILARDI, 2009).

3.3 Processos em campo e laboratório

Em campo, as coletas foram realizadas com a ajuda de pescadores que atuam em pesca artesanal nesta região, utilizando rede de espera para captura dos peixes. Após a captura, os peixes foram transportados para um laboratório temporário instalado próximo ao rio, onde as brânquias foram cuidadosamente removidas com o auxílio de tesouras e pinças. Para a análise morfológica dos monogenóideos, as brânquias foram armazenadas em recipientes contendo água aquecida a 60°C, agitadas e posteriormente fixadas em formalina a 5%. Enquanto, outras amostras das brânquias foram armazenadas em álcool 96%, para estudos moleculares dos parasitos. No Laboratório de Sistemática e Coevolução (LASCO) do Instituto de Estudos Costeiros, Universidade Federal do Pará, Campus Universitário de Bragança, as brânquias foram triadas utilizando lupa estereoscópica LEICA S6D com o auxílio de agulhas.

Os espécimes de monogenóideos destinados à análise de estruturas esclerotizadas foram montados em meio de Hoyer ou Gray & Wess (HUMANSON, 1979; BOEGER e VIANNA, 2006) e para a análise morfológica de órgãos internos foram corados com Tricômico de Gomori (HUMANSON, 1979; BOEGER e VIANNA, 2006) e montados em Goma de Dammar ou bálsamo do Canadá. Os espécimes foram analisados e todas as medições foram obtidas em micrômetros com auxílio de ocular micrométrica seguindo os procedimentos de Kritsky et al. (1986) adaptado e usando o software Leica LAS Interactive Measurement. Os índices parasitológicos (abundância, prevalência e intensidade média) foram obtidos a partir das definições de Bush et al. (1997). As ilustrações foram preparadas com o auxílio da câmera clara acoplada ao microscópio Leica DM 2500 com contraste de interferência diferencial e óptica de contraste de fase, com o uso de caneta e papel. A prancha final do desenho foi feita pelo programa Affinity designer©.

3.4 Análise molecular

Para o processo de caracterização molecular, um único espécime de monogenoideo foi dividido em duas partes: A primeira, com a porção anterior do corpo contendo o órgão

copulatório, foi montado em Hoyer e conservadas como material testemunho do espécime “hologenóforo” (PLEIJEL et al., 2008). A segunda parte do corpo do espécime contendo o háptor foi destinado a extração do DNA, realizado com o QIAamp DNA Micro Kit (Qiagen, USA), seguindo o protocolo estabelecido pelo fabricante, com um volume final de 30 µl.

Para a amplificação genômica, foi utilizado o gene nuclear 28S rDNA da subunidade ribossomal maior (LSU), utilizando os pares de primers U178 e L1642 (LOCKYER et al., 2003).

A reação em cadeia da polimerase (PCR) foi realizada conforme Soares et al. 5(2023a). As PCRs foram realizadas em Matercycler® nexus (Eppendorff, Hamburgo, Alemanha) com volume final de 25 µl e com o DreamTaq Green PCR Master Mix (2×) (Thermo Scientific Wilmington, EUA), seguindo as recomendações do fabricante. Uma quantidade de 0,1 mM de cada primer e 3 µl do DNA extraído será utilizada nas reações. Para amplificar o fragmento 28S rDNA, o programa de PCRs foi configurado para uma desnaturação inicial a 95 °C por 3 min, seguido por 34 ciclos de 94 °C por 30 s, 56 °C por 30 s, 72 °C por 90 s, e um alongamento final a 72°C por 4 min (SOARES et al. 2023a). Os amplicons foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 2% em um tampão TAE (40 mM Tris, 20 mM de ácido acético, 1 mM de EDTA) corado com SYBRsafe® (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA) ao lado de um 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA) a 100 V por 30 min. Os produtos de PCR foram purificados usando o QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen, EUA) e o sequenciamento foi realizado com o Kit BigDye® Terminator Cycle Sequencing Kit v.3.1 (Applied Biosystems™) em um sequenciador automático ABI 3730 (Applied Biosystems, Califórnia, EUA) da empresa OMIKKA (Estado de São Paulo, Brasil), utilizando os mesmos primers utilizados para amplificação do fragmento 28S rDNA, mais os primers 900F, 1200R (LITTLEWOOD et al., 2000).

3.5 Análises filogenéticas

As sequências de DNA obtidas foram visualizadas, montadas e editadas com o programa Sequencher 4.1.4 (Gene Codes, Ann Arbor, MI). Além das sequências obtidas, outras sequências foram buscadas no GenBank, para a realização da análise. Elas foram alinhadas usando o MUSCLE implementado no Geneious v7.1.3 (Kearse et al., 2012) e o método utilizado para a filogenia foi o de Máxima Verossimilhança (MV). A análise de MV foi realizada no PhyML v3.0 (Guindon et al., 2010) implementado via servidor web atgc montpellier com topologia avaliada por bootstrap com 1000 réplicas, usando o modelo de

evolução selecionado pelo JModelTest v2.1.1 (Darriba et al., 2012), utilizando o critério de informação de Akaike. As árvores serão visualizadas usando o Figtree v1.3.1 (Rambaut 2008) e as figuras preparadas usando o CorelDraw®. A divergência genética foi determinada usando a matriz do modelo p-distance no MEGA v7. (Kumar et al., 2016). Grupos de Monogeneoidea como Pseudomurraytrematidae e Diplectanidae foram utilizados como grupos externos para enraizar as topologias, por conta de sua relação filogenética próxima aos Dactylogyridae (Boeger e Kritsky 1997, 2000; Plaisance et al., 2005).

REFERÊNCIAS

- ACOSTA, Aline Angelina et al. Six new species of *Heteropriapulus* (Monogenea: Dactylogyridae) from South American fishes with an amended diagnosis to the genus. **Zootaxa**, v. 4290, n. 3, p. 459-482, 2017.
- ACOSTA, Aline Angelina et al. A new genus and two new species of dactylogyrid monogeneans from gills of Neotropical catfishes (Siluriformes: Doradidae and Loricariidae). **Parasitology International**, v. 67, n. 1, p. 4-12, 2018.
- ACOSTA, Aline A. et al. A new genus and four new species of dactylogyrids (Monogenea), gill parasites of pimelodid catfishes (Siluriformes: Pimelodidae) in South America and the reassignment of *Urocleidoides megorchis* Mizelle et Kritsky, 1969. **Folia Parasitologica**, v. 66, 2019.
- BÁNKI, O. et al. Catalogue of Life (Version 2025-02-13). Catalogue of Life, Amsterdam, Netherlands, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.48580/dgnfb>. Acesso em: 10 mar. 2025.
- BARTHEM, Ronaldo Borges; FABRÉ, Nidia Noemi. Biologia e diversidade dos recursos pesqueiros da Amazônia. **A pesca e os recursos pesqueiros na Amazônia brasileira**, v. 1, p. 17-62, 2004.
- BIRINDELLI, José LO. Phylogenetic relationships of the South American Doradoidea (Ostariophysi: Siluriformes). **Neotropical Ichthyology**, v. 12, n. 03, p. 451-564, 2014.
- BOEGER, W. A.; VIANNA, R. T.; THATCHER, V. E. Monogeneoidea. In: Aquatic Biodiversity in Latin America. **Amazon fish parasites** (Second edition). Sofia-Moscow: Pensoft Publishers, 2006. p. 42–116.

BOEGER, Walter A.; KRITSKY, Delane C. Coevolution of the Monogenoidea (Platyhelminthes) based on a revised hypothesis of parasite phylogeny. **International Journal for Parasitology**, v. 27, n. 12, p. 1495-1511, 1997.

BRABEC, Jan et al. The evolution of endoparasitism and complex life cycles in parasitic platyhelminths. **Current Biology**, v. 33, n. 19, p. 4269-4275. e3, 2023.

CASSEMIRO, Fernanda AS et al. Landscape dynamics and diversification of the megadiverse South American freshwater fish fauna. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 120, n. 2, p. e2211974120, 2023.

CAMARGO, Mauricio; GIARRIZZO, Tommaso; ISAAC, Victoria. Review of the geographic distribution of fish fauna of the Xingu river basin, Brazil. **Ecotropica**, v. 10, n. 2, p. 123-147, 2004.

COHEN, Simone Chinicz et al. Checklist de Monogenoidea parasitos de peixes Siluriformes do Brasil. **Atualidades em Medicina Tropical na América do Sul: Veterinária (1st edn). Editora Stricto Sensu**, p. 28-48, 2021.

COHEN, Simone Chinicz; JUSTO, M. C. N.; KOHN, Anna. **South American Monogenoidea parasites of fishes, amphibians and reptiles**. 2013.

DAGOSTA, Fernando CP; DE PINNA, Mário. The fishes of the Amazon: distribution and biogeographical patterns, with a comprehensive list of species. **Bulletin of the American Museum of Natural History**, v. 2019, n. 431, p. 1-163, 2019.

DARRIBA, Diego et al. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. **Nature methods**, v. 9, n. 8, p. 772-772, 2012.

DE AGUIAR, Julio Cesar Cenci et al. Morphology and molecular phylogeny of *Pauciconfibuloides amazonica* gen. n. sp. n. (Platyhelminthes, Monogenoidea) parasitizing the Amazonian croaker *Plagioscion squamosissimus*. **Parasitology International**, v. 87, p. 102489, 2022.

DE SOUSA SILVA, Augusto Leandro et al. Dactylogyrids (Platyhelminthes, Monogenea) from the gill lamellae of doradids (Siluriformes) with description of five new species of

Cosmetocleithrum and new geographical distribution for known species from the Neotropical Region, Brazil. **Parasite**, v. 30, p. 53, 2023.

FERONATO, Sofia Galvão et al. Neotropical Monogenoidea 64. *Cosmetocleithrum falsunilatum* sp. n. (Monogenoidea, Dactylogyridae) parasite of the gills of *Megalodoras uranoscopus* (Siluriformes, Doradidae) from the Solimoes river, near Iquitos, Peru. **Systematic Parasitology**, v. 99, n. 3, p. 341-346, 2022.

FRANCESCHINI, L. et al. *Trinigyrus* spp. (Monogenea: Dactylogyridae) from Brazilian catfishes: new species, molecular data and new morphological contributions to the genus. **Journal of Helminthology**, v. 94, p. e126, 2020.

FRANCESCHINI, L. et al. Morphology and molecular characterization of *Demidospermus spirophallus* n. sp., *D. prolixus* n. sp. (Monogenea: Dactylogyridae) and a redescription of *D. anus* in siluriform catfish from Brazil. **Journal of Helminthology**, v. 92, n. 2, p. 228–243, 2018.

FREITAS, Carlos EC. et al. Factors determining fish species diversity in Amazonian floodplain lakes. In: **Amazon Basin: Plant Life, Wildlife and Environment**. Nova Science Publishers, p. 43–78, 2010.

GIARRIZZO, T. et al. Length-weight and length-length relationships for 135 fish species from the Xingu River (Amazon Basin, Brazil). **Journal of Applied Ichthyology**, v. 31, n. 2, p. 415–424, 2015.

GUINDON, Stéphane et al. New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. **Systematic biology**, v. 59, n. 3, p. 307–321, 2010.

HIGUCHI, Horacio. A phylogeny of the South American thorny catfishes (Osteichthyes; Siluriformes, Doradidae). Harvard University, 1992.

HUMASON, G. L. Animal Tissue Techniques. 4. ed. San Francisco: Freeman and Company, 1979. 661 p.

HOAI, Truong Dinh. Reproductive strategies of parasitic flatworms (Platyhelminthes, Monogenea): the impact on parasite management in aquaculture. **Aquaculture International**, v. 28, n. 1, p. 421-447, 2020.

JUNK, Wolfgang J. et al. The flood pulse concept in river-floodplain systems. **Canadian special publication of fisheries and aquatic sciences**, v. 106, n. 1, p. 110-127, 1989.

JUSTO, Marcia Cristina Nascimento; DE OLIVEIRA MARTINS, Williane Maria; COHEN, Simone Chinicz. A New Species of *Unibarra* (Monogenoidea, Dactylogyridae) Parasite of *Oxydoras niger* From Juruá River, State of Acre, Brazil and New Data for *U. paranoplatensis*. **Acta Parasitologica**, v. 68, n. 2, p. 439-446, 2023.

KEARSE, Matthew et al. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. **Bioinformatics**, v. 28, n. 12, p. 1647-1649, 2012.

KRITSKY, D. C.; THATCHER, V. E.; BOEGER, W. A. Neotropical Monogenea. 8. Revision of *Urocleidoides* (Dactylogyridae, Ancyrocephalinae). **Proceedings of the Helminthological Society of Washington**, v. 53, p. 1–37, 1986.

KUMAR, Sudhir; STECHER, Glen; TAMURA, Koichiro. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular biology and evolution**, v. 33, n. 7, p. 1870-1874, 2016.

LITTLEWOOD, D. T. J.; CURINI-GALLETTI, Marco; HERNIOU, Elisabeth A. The interrelationships of *Proseriata* (Platyhelminthes: Seriata) tested with molecules and morphology. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 16, n. 3, p. 449-466, 2000.

LOCKYER, A. E.; OLSON, P. D.; LITTLEWOOD, D. T. J. Utility of complete large and small subunit rRNA genes in resolving the phylogeny of the Neodermata (Platyhelminthes): implications and a review of the cercomer theory. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 78, n. 2, p. 155-171, 2003.

LUQUE, Jose L. et al. Checklist of Nematoda associated with the fishes of Brazil. **Zootaxa**, v. 3082, n. 1, p. 1–88–1–88, 2011.

LUQUE, Jose Luis et al. Helminth parasites of South American fishes: current status and characterization as a model for studies of biodiversity. **Journal of helminthology**, v. 91, n. 2, p. 150-164, 2017.

MENDOZA-FRANCO, Edgar F.; MENDOZA-PALMERO, Carlos A.; SCHOLZ, Tomáš. New species of *Ameloblastella* Kritsky, mendoza-franco & Scholz, 2000 and *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 (monogenea: Dactylogyridae) infecting the gills of catfishes (Siluriformes) from the Peruvian Amazonia. **Systematic Parasitology**, v. 93, p. 847-862, 2016.

MENDOZA-PALMERO, CA.; ACOSTA, AA.; SCHOLZ, T. Molecular phylogeny of *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 (Monogenoidea: Dactylogyridae), gill parasites of Neotropical catfishes (Siluriformes). **Journal of Helminthology**, v. 96, p. e56, 2022. <https://doi.org/10.1017/S0022149X2200044X>

MENDOZA-PALMERO, Carlos A.; BLASCO-COSTA, Isabel; SCHOLZ, Tomáš. Molecular phylogeny of Neotropical monogeneans (Platyhelminthes: Monogenea) from catfishes (Siluriformes). **Parasites & Vectors**, v. 8, p. 1-11, 2015.

MOREY, Germán Augusto Murrieta; ROJAS, Carlos Alfredo Tuesta; CACHIQUE, José Carlos Zumaeta. *Cosmetocleithrum infinitum* sp. n.(Monogenoidea: Dactylogyridae) parasite of the gills of *Anadoras grypus* (Siluriformes: Doradidae) from the Amazonas river, in Loreto, Peru. **Systematic Parasitology**, v. 99, n. 6, p. 683-688, 2022.

NELSON, Joseph S.; GRANDE, Terry C.; WILSON, Mark V. **Fishes of the World**. John Wiley & Sons, 2016.

NUNES-GUTJAHR, Ana Lúcia; BRAGA, Carlos Elias de Souza. Análise faunística de gafanhotos Acridoidea da Volta Grande do Rio Xingu, área de influência direta da Hidrelétrica Belo Monte, Pará, Brasil. **Ciência Rural**, v. 45, n. 7, p. 1220-1227, 2015.

PLAISANCE, Laetitia et al. Molecular phylogeny of gill monogeneans (Platyhelminthes, Monogenea, Dactylogyridae) and colonization of Indo-West Pacific butterflyfish hosts (Perciformes, Chaetodontidae). **Zoologica Scripta**, v. 34, n. 4, p. 425-436, 2005.

RAMBAUT, A. FigTree v1.1.1: tree figure drawing tool. 2008. Disponível em: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.

REIS, Roberto E. **Check list of the freshwater fishes of South and Central America**. Edipucrs, 2003.

REIS, Roberto E. et al. Fish biodiversity and conservation in South America. **Journal of fish biology**, v. 89, n. 1, p. 12-47, 2016.

PÉREZ, Mark H. Sabaj; BIRINDELLI, José LO. Taxonomic revision of extant Doras Lacepède, 1803 (Siluriformes: Doradidae) with descriptions of three new species. **Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia**, v. 157, n. 1, p. 189-233, 2008.

PLEIJEL, Fredrik et al. Phylogenies without roots? A plea for the use of vouchers in molecular phylogenetic studies. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 48, n. 1, p. 369-371, 2008.

SABAJ, Mark Henry; ARCE H, Mariangeles. Towards a complete classification of the Neotropical thorny catfishes (Siluriformes: Doradidae). **Neotropical Ichthyology**, v. 19, n. 04, p. e210064, 2021.

SOARES, Geusivam B. et al. Diversification processes between monogenoids (Dactylogyridae) and their marine catfish (Siluriformes: Ariidae) from the Atlantic coast of South America. **Parasitology**, v. 150, n. 2, p. 184-194, 2023.

SOARES, Geusivam B. et al. Morphology and molecular phylogeny of Chauhanellus Bychowsky & Nagibina, 1969 (Monogenoidea) parasitizing marine catfish (Ariidae) from the Atlantic coast of South America: a new species, supplementary taxonomic information and new insights. **Journal of helminthology**, v. 97, p. e32, 2023.

SOUSA, Leandro Melo de. **Revisão taxonômica de Physopyxis Cope, 1871 (Siluriformes, Doradidae) com descrição de duas novas espécies**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Amazonas. Manaus, 2004.

TAVARES-DIAS, Marcos; SILVA, Luís Mauricio Abdon; OLIVEIRA, Marcos Sidney Brito. Geographic range, distribution patterns and interactions of Monogenea Van Beneden 1858, with species of native host freshwater fishes from Brazil. **Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária**, v. 31, n. 3, p. e005722, 2022.

THATCHER, Vernon Everett. Amazon fish parasites. **Pensoft Publishers**, 2006.

VANNOTE, Robin L. et al. The river continuum concept. **Canadian journal of fisheries and aquatic sciences**, v. 37, n. 1, p. 130-137, 1980.

ZAGO, Aline Cristina et al. Seven new species of *Urocleidoides* (Monogenea: Dactylogyridae) from Brazilian fishes supported by morphological and molecular data. **Parasitology Research**, v. 119, p. 3255-3283, 2020.

*Este capítulo está formatado nas normas da revista *Systematic Parasitology*:

<https://link.springer.com/journal/11230/submission-guidelines>

**TAXONOMIA INTEGRATIVA DE MONOGENOIDEA (PLATYHELMINTHES)
PARASITOS DE *DORAS HIGUCHII* SABAJ PÉREZ E BIRINDELLI, 2008
(SILURIFORMES, DORADIDAE) DO RIO XINGÚ, PARÁ, BRASIL.**

Taxonomia integrativa de Monogenoidea (Platyhelminthes) parasitos de *Doras higuchii* Sabaj Pérez & Birindelli, 2008 (Siluriformes, Doradidae) do rio Xingú, Pará, Brasil.

Iasmin L. Mufarrej de Souza¹, Geusivam B. Soares¹ & Marcus V. Domingues¹

¹Laboratório de Sistemática e Coevolução, Universidade Federal do Pará, Campus Universitário de Bragança, Instituto de Estudos Costeiros; Travessa Leandro Ribeiro, s/n, bairro Aldeia, 68600-000, Bragança, Pará, Brasil.

RESUMO

O presente estudo é uma análise taxonômica integrativa de uma nova espécie do gênero *Vancleaveus* (Dactylogyridae, Monogenoidea) reportada pela primeira vez parasitando as brânquias de *Doras higuchii* (Siluriformes, Doradidae) na bacia do rio Xingú, Pará, Brasil. *Vancleaveus* **sp. nov.** se diferencia das outras espécies congêneres que ocorrem em doradídeos por apresentar uma barra dorsal com projeção anteromedial; OCM tubular, apresentando porção proximal com uma leve curvatura, ligeiramente sigmoide e a porção distal mais alongada e estreita, em uma forma linguiforme. Uma hipótese filogenética baseada em dados morfológicos e moleculares é apresentado aqui para espécies de *Vancleaveus* que ocorrem em doradídeos.

Palavras-chave: Doradídeos, Monogenóideos, Taxonomia, Diversidade, *Vancleaveus*

INTRODUÇÃO

Doradidae é uma família de bagres de água doce endêmica da América do Sul que compreende aproximadamente 95 espécies válidas, distribuídas em 33 gêneros (Bánki et al., 2025). Dessa diversidade, ~75% são registradas para a bacia Amazônica (Dagosta e Pinna, 2019). Os doradídeos são conhecidos popularmente como bagres falantes ou espinhosos, e são facilmente distinguidos entre os bagres por terem uma única fileira de placas medianas laterais, cada uma geralmente com um único espinho orientado posteriormente (Nelson, Grande e Wilson, 2016; Birindelli, 2010). A espécie *Doras higuchii* (Siluriformes: Doradidae), conhecida popularmente como botinho, é amplamente distribuída nos tributários do baixo rio Amazonas (Sabaj Pérez & Birindelli 2008)

Atualmente são conhecidas 23 espécies de monogenóideos parasitando peixes doradídeos pertencentes a 3 gêneros: *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986; *Vancleaveus* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 e *Unibarra* Suriano & Incorvaia, 1995 (Tabela

01). Entretanto, apenas onze espécies de doradídeos foram investigadas em busca de seus parasitos monogenóideos (*Franciscodoras marmoratus* Lütken, 1874; *Pterodoras granulatus* Valenciennes, 1921; *Oxydoras niger* Valenciennes, 1821; *Hassar orestis* Steindachner, 1875; *Trachydoras paraguayensis* Eigenmann & Ward, 1907; *Platydoras brachylecis* Piorski *et al.*, 2008; *Hassar affinis* Fayal & Wosiacki, 2011; *Hassar gabiru* Fayal & Wosiacki, 2011; *Anadoras grypus* Cope, 1872; *Nemadoras hemipeltis* (Eigenmann); *Megalodorus uranoscopus* (Eigenmann & Eigenmann) (Mendoza-Franco *et al.*, 2016; Soares, Neto e Domingues, 2018; Morey, Rojas e Cachique, 2022; Feronato *et al.*, 2022; Mendoza-Palmero, 2022; de Sousa Silva, 2023; Justo, de Oliveira Martins e Cohen, 2023). O fato de ter poucas espécies de doradídeos estudados demonstra o potencial da existência de uma diversidade de monogenóideos até então desconhecida para este grupo de hospedeiros. Desse modo, uma abordagem que combine diferentes tipos de dados, pode ajudar nas descrições de novas espécies.

Tabela 01. Diversidade de monogenóideos parasitos de Doradidae.

Parasito	Hospedeiro
<i>Cosmetocleithrum akuanduba</i> Soares, Santos-Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar affinis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>
	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum basicomplexum</i> Silva <i>et al.</i> , 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum bifurcum</i> Mendoza-Franco, Mendoza-Palmero & Scholz, 2016	<i>Hassar gabiru</i>
<i>Cosmetocleithrum trachydorasi</i> (Acosta <i>et al.</i> , 2018) Cohen <i>et al.</i> , 2020	<i>Trachydoras paraguayensis</i>
<i>Cosmetocleithrum gigas</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum falsunilatum</i> Feronato <i>et al.</i> 2022	<i>Megalodorus uranoscopus</i>
<i>Cosmetocleithrum brachylecis</i> Silva <i>et al.</i> , 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>
<i>Cosmetocleithrum bulbocirrus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Pterodoras granulatus</i>
<i>Cosmetocleithrum confusus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum gussevi</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum leandroi</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar affinis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>
<i>Cosmetocleithrum ludovicense</i> Silva <i>et al.</i> , 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>

<i>Cosmetocleithrum parvum</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum phryctophallus</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar orestis</i>
<i>Cosmetocleithrum rarum</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum sacciforme</i> Silva et al., 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum sobrinus</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Cosmetocleithrum tortum</i> Mendoza-Franco, Mendoza-Palmero & Scholz, 2016	<i>Nemadoras hemipeltis</i>
<i>Cosmetocleithrum infinitum</i> Morey, Rojas e Cachique, 2022	<i>Anadoras grypus</i>
<i>Cosmetocleithrum undulatum</i> Silva et al., 2023	<i>Platydoras brachylecis</i>
<i>Unibarra juruaensis</i> Justo, Martins & Cohen, 2023	<i>Oxydoras niger</i>
<i>Vancleaveus cicinnus</i> Santos e Brasil-Sato (2006)	<i>Franciscodoras marmoratus</i>
<i>Vancleaveus janauacaensis</i> Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986	<i>Pterodoras granulatus</i>
<i>Vancleaveus klasseni</i> Soares, Santos Neto & Domingues, 2018	<i>Hassar orestis</i>
	<i>Hassar gabiru</i>

Nesse sentido, a taxonomia integrativa, que combina informações obtidas por meio de diversas metodologias, como análises de sequenciamento genético e estudos de características morfológicas, tem desempenhado um papel crucial na distinção precisa de espécies de Monogenoidea (ACOSTA et al., 2017; SOARES et al., 2021; AGUIAR et al., 2022; MENDOZA-PALMERO et al., 2022). Diante disso, foi realizado uma investigação para o conhecimento da diversidade de parasitos monogenóides das brânquias de *Doras higuchii* da bacia do rio Xingú e uma nova espécie pertencente ao gênero *Vancleaveus* é aqui descrita, sendo também a primeira ocorrência para as brânquias de *Doras higuchii*. Além disso, uma hipótese filogenética baseada em dados moleculares é apresentada aqui para espécies de *Vancleaveus* que ocorrem em doradídeos.

MATERIAIS E METÓDOS

Área de estudo

Vinte e cinco espécimes de peixes da espécie *Doras higuchii* foram capturados na bacia do rio Xingu no mês de abril (i.e. período de cheia) e outubro (i.e., período de estiagem) de 2015. Os pontos de coleta incluíram os seguintes rios, juntamente com suas respectivas coordenadas geográficas: Ilha grande - rio Xingú – Altamira (03°35'50,2''S 52°21'22,5''W);

Gorgulho da Rita - rio Xingú - Altamira (03°21'15,7''S 52°11'47,5''W); rio Bacajá – Altamira (03°33'47,1''S 51°36'50,3''W).

Processos em campo e laboratório

Em campo, as coletas foram realizadas com a ajuda de pescadores que atuam em pesca artesanal nesta região, utilizando rede de espera para captura dos peixes. Após a captura, os peixes foram transportados para um laboratório temporário instalado próximo ao rio, onde as brânquias foram cuidadosamente removidas com o auxílio de tesouras e pinças. Para a análise morfológica dos monogenóideos, as brânquias foram armazenadas em recipientes contendo água aquecida a 60°C, agitadas e posteriormente fixadas em formalina a 5%. Enquanto, outras amostras das brânquias foram armazenadas em álcool 96%, para estudos moleculares dos parasitos. No Laboratório de Sistemática e Coevolução (LASCO) do Instituto de Estudos Costeiros, Universidade Federal do Pará, Campus Universitário de Bragança, as brânquias foram triadas utilizando lupa estereoscópica LEICA S6D com o auxílio de agulhas.

Os espécimes de monogenóideos destinados à análise de estruturas esclerotizadas foram montados em meio de Hoyer ou Gray & Wess (Humanson, 1979; Boeger e Vianna, 2006) e para a análise morfológica de órgãos internos foram corados com Tricômico de Gomori (Humanson, 1979; Boeger & Viana, 2006) e montados em Goma de Dammar ou bálsamo do Canadá. Os espécimes foram analisados e todas as medições foram obtidas em micrômetros seguindo os procedimentos de Mizelle & Klucka (1953) e usando o software Leica LAS Interactive Measurement. Os índices parasitológicos (abundância, prevalência e intensidade média) foram obtidos a partir das definições de Bush et al. (1997). As ilustrações foram preparadas com o auxílio da câmera clara acoplada ao microscópio Leica DM 2500 com contraste de interferência diferencial e óptica de contraste de fase, com o uso de caneta nanquim e papel. A prancha final do desenho foi feita pelo programa affinity designer©.

Análise molecular

Para o processo de caracterização molecular, um único espécime de monogenoideo foi dividido em duas partes: A primeira, com a porção anterior do corpo contendo o órgão copulatório, foi montado em Hoyer e conservadas como material testemunho do espécime “hologenóforo” (Pleijel et al., 2008). A segunda parte do corpo do espécime contendo o háptor foi destinado a extração do DNA, realizado com o QIAamp DNA Micro Kit (Qiagen, USA), seguindo o protocolo estabelecido pelo fabricante, com um volume final de 30 µl.

Para a amplificação genômica, foi utilizado o gene nuclear 28S rDNA da subunidade ribossomal maior (LSU), utilizando os pares de primers U178 e L1642 (LOCKYER et al., 2003).

A reação em cadeia da polimerase (PCR) foi realizada conforme Soares et al. (2023a). As PCRs foram realizadas em Matercycler® nexus (Eppendorff, Hamburgo, Alemanha) com volume final de 25 µl e com o DreamTaq Green PCR Master Mix (2×) (Thermo Scientific Wilmington, EUA), seguindo as recomendações do fabricante. Uma quantidade de 0,1 mM de cada primer e 3 µl do DNA extraído será utilizada nas reações. Para amplificar o fragmento 28S rDNA, o programa de PCRs foi configurado para uma desnaturação inicial a 95 °C por 3 min, seguido por 34 ciclos de 94 °C por 30 s, 56 °C por 30 s, 72 °C por 90 s, e um alongamento final a 72°C por 4 min (Soares et al. 2023a). Os amplicons foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 2% em um tampão TAE (40 mM Tris, 20 mM de ácido acético, 1 mM de EDTA) corado com SYBRsafe® (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA) ao lado de um 1 kb Plus DNA Ladder (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, EUA) a 100 V por 30 min. Os produtos de PCR foram purificados usando o QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen, EUA) e o sequenciamento foi realizado com o Kit BigDye® Terminator Cycle Sequencing Kit v.3.1 (Applied Biosystems™) em um sequenciador automático ABI 3730 (Applied Biosystems, Califórnia, EUA) da empresa OMIKKA (Estado de São Paulo, Brasil), utilizando os mesmos primers utilizados para amplificação do fragmento 28S rDNA, mais os primers 900F, 1200R (Littlewood et al., 2000).

Análises filogenéticas

As sequências de DNA obtidas foram visualizadas, montadas e editadas com o programa Sequencher 4.1.4 (Gene Codes, Ann Arbor, MI). Além das sequências obtidas, outras sequências foram buscadas no GenBank, para a realização da análise. Elas foram alinhadas usando o MUSCLE implementado no Geneious v7.1.3 (Kearse et al., 2012) e o método utilizado para a filogenia foi o de Máxima Verossimilhança (MV). A análise de MV foi realizada no PhyML v3.0 (Guindon et al., 2010) implementado via servidor web atgc montpellier com topologia avaliada por bootstrap com 1000 réplicas, usando o modelo de evolução selecionado pelo JModelTest v2.1.1 (Darriba et al., 2012), utilizando o critério de informação de Akaike. As árvores serão visualizadas usando o Figtree v1.3.1 (Rambaut 2008) e as figuras preparadas usando o CorelDraw®. A divergência genética foi determinada usando a matriz do modelo p-distance no MEGA v7. (Kumar et al., 2016). Grupos de Monogonoidea

como Pseudomurraytremaeidae e Diplectanidae foram utilizados como grupos externos para enraizar as topologias, por conta de sua relação filogenética próxima aos Dactylogyridae (Boeger e Kritsky 1997, 2000; Plaisance et al., 2005).

RESULTADOS

Foram analisados 25 espécimes de *Doras higuchii* e desse total, 13 (52%) estavam com as brânquias parasitadas por espécimes de monogenóideos. Os dados morfológicos, morfométricos e genéticos do gene 28S rDNA que dão suporte à proposta de um novo táxon de *Vancleaveus* (Dactylogyridae), são apresentados abaixo.

Seção taxonômica

Classe Monogenoidea Bychowsky, 1937

Ordem Dactylogyridea Bychowsky, 1937

Dactylogyridae Bychowsky, 1933

Vancleaveus Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986

Vancleaveus sp. n. (Fig. 1 – 9)

Hospedeiro Tipo: *Doras higuchii* (Sábaj Pérez & Birindelli, 2008).

Localidade Tipo: Bacia do rio Xingu. Ilha grande - rio Xingú – Altamira (03°35'50,2''S 52°21'22,5''W); Gorgulho da Rita - rio Xingú - Altamira (03°21'15,7''S 52°11'47,5''W); rio Bacajá – Altamira (03°33'47,1''S 51°36'50,3''W).

Sítio de infestação: Filamentos branquiais.

Prevalência: 52% de 25 hospedeiros examinados.

Intensidade média: 21 parasitos por hospedeiro.

Abundância média: 0,5

Sequência de DNA: Sequência parcial de 1380 pb de comprimento do gene 28S rDNA de um parasita isolado.

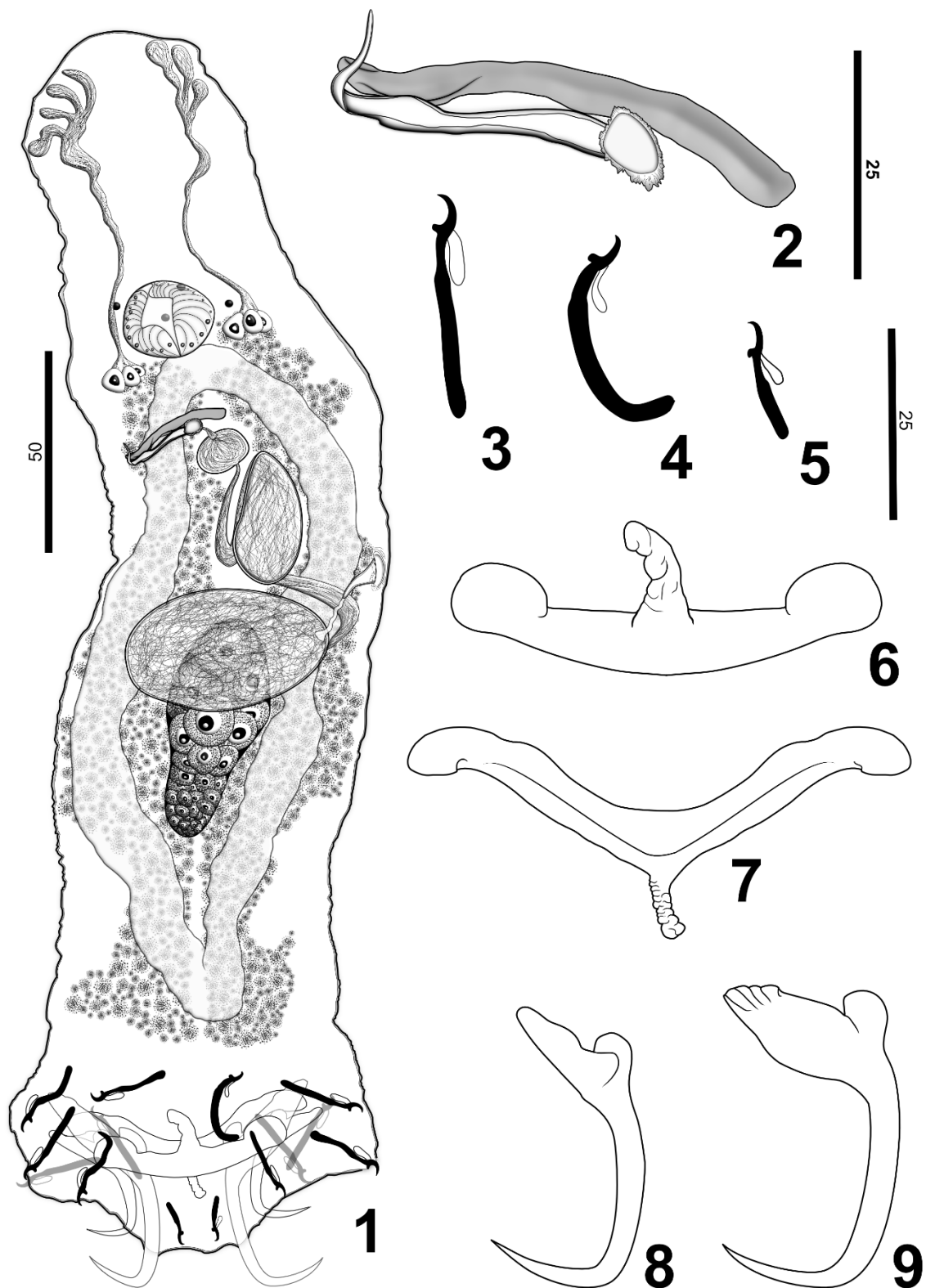
Descrição. (baseado em 15 espécimes, 10 montados em Tricrômico de Gomori e 5 montados em Hoyer): Corpo fusiforme, **269 (168 – 410; n = 14)** de comprimento, excluindo o háptor, **84 (49 – 140; n = 14)** de largura, ao nível do germário (Fig. 1); Tegumento liso. Área cefálica com lobos terminais, poucos desenvolvidos ou ausentes margem cefálica arredondada; órgãos da

cabeça presentes, 3 a 4 pares; glândulas cefálicas unicelulares, bilaterais, póstero-laterais à faringe., Olhos ausentes; grânulos cromáticos, presentes, ausentes, esféricos. Boca subterminal, ventral mediana; faringe muscular, esférica **23 (30 – 14; n = 12)** de diâmetro; esôfago moderadamente alongado; cecos intestinais, confluentes posteriormente gônadas, sem divertículos. Poro genital medianamente ventral, anterior ao complexo copulatório. Átrio genital não esclerotizado. Gônadas sobrepostas, testículos dorsais ao germário. Reservatório prostático, oviduto, glândulas de Mehlis, útero e ovos não observados. Complexo copulatório composto por órgão copulatório masculino (MCO), peça acessória. MCO esclerotizado, tubular, **26 (20 – 38; n = 8)** de comprimento, base com tampa esclerotizada, porção proximal da MCO ligeiramente sigmoide, porção distal afilada, linguiforme. Peça acessória em forma de calha, servindo de guia para a porção distal do OCM. Testículo saculiforme **37 (33 – 41; n = 3)** de comprimento, **17 (17 – 18; n = 3)** de largura; vaso deferente dando volta no ceco intestinal esquerdo; vesícula seminal dilatação do vaso deferente, porção proximal saculiforme, porção mediana com alça descendente, ascendente, porção distal bulbosa. Poro vaginal sinistral, ventromarginal; vestibulo vaginal não esclerotizado, tulipiforme; canal vaginal, muscular, curto, sigmóide; receptáculo seminal saculiforme. Germário alongado **63 (38 – 84; n = 5)** de comprimento, **34 (21 – 53; n = 5)** de largura. Vitellaria densa, estendendo-se do esôfago até a confluência do ceco intestinal. Háptor hexagonal **69 (43 – 122; n = 13)** de comprimento e **71 (48 – 115; n = 13)** de largura. Âncora ventral **16 (20 – 13; n = 7)** na base, **42,5 (35 – 48; n = 7)** na parte interna, **39,5 (33 – 44; n = 7)** na parte externa, com raiz superficial bem desenvolvida, deprimida na superfície distal dotada de ranhuras; raiz profunda curta, arredondada na superfície distal; haste longa levemente curvada; ponta curta, curvada e aguda, se estendendo ao nível da ponta da raiz superficial (Fig. 9). Âncora dorsal **11 (8 – 13; n = 6)** na base, **34 (28,5 – 42; n = 6)** na parte interna, **34 (28 – 45; n = 6)** na parte externa, com raiz superficial bem desenvolvida, subtriangular, com dobra na base; raiz profunda curta, arredondada na superfície distal; haste longa levemente curvada; ponta curta, curvada e aguda, se estendendo além do nível da ponta da raiz superficial (Fig. 8). Barra ventral **54 (34 – 68; n = 7)** de comprimento, **18 (11 – 23; n = 7)** de largura, com projeção anteromedial, porções terminais dilatadas (Fig. 6). Barra dorsal **55 (31 – 66,5; n = 7)** de comprimento, **13 (10 – 18; n = 6)** de largura, forma de “V” aberto, com projeção posteromedial, extremidades ligeiramente afiladas, curvada na direção posterior (Fig. 7). Pares de ganchos semelhantes em morfologia, haste com dilatação proximal, polegar deprimido, lâmina levemente recurvada, ponta delicada, filamento do gancho delicado, estendendo até o limite da dilatação da haste. Pares de ganchos

1, **30 (26 – 34; n = 7)** de comprimento (Fig. 4); pares de ganchos 2 –4, 6, 7, **32 (26 – 38; n = 35)** de comprimento (Fig. 3); par de ganchos 5, **12 (10 – 16; n = 7)** de comprimento (Fig. 5).

Medidas comparativas: Tabela 2.

Comentários: *Vancleaveus* sp. n. assemelha-se a *Vancleaveus cicinnus* (Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986) e *Vancleaveus janauacaensis* (Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986) por apresentar uma projeção na barra ventral e na barra dorsal. Entretanto, na nova espécie esta projeção é posteromedial, enquanto nas outras é anteromedial. Assim como o par de gancho 5 menor que os demais pares de ganchos; *Vancleaveus* sp. n. se diferencia das demais espécies congêneres por apresentar o OCM tubular, com uma base com tampa, porção proximal apresenta uma ligeira forma de “S” e a porção distal mais afilada, em um formato linguiforme.



Figuras 1. *Vancleaveus* sp. n.: (1) holótipo corpo inteiro, ventral; (2) Complexo copulatório; (3) Ganchos 2-4, 6 e 7; (4) Gancho 1; (5) Gancho 5; (6) Barra ventral; (7) Barra dorsal; (8) Âncora dorsal; (9) Âncora ventral

Tabela 2. Medidas (μm) de *Vancleaveus* sp. n. parasito das brânquias de *Doras higuchii* da bacia do rio Xingu.

Estruturas	Medidas (μm)	N
Comprimento do corpo (BL)	269 (168-410)	14
Largura do corpo (BW)	84 (49 – 140)	14
Comprimento do háptor (HL)	67 (43 – 122)	13
Largura do háptor (HW)	71 (48 – 115)	13
Comprimento da faringe (PL)	23 (14 – 30)	12
Comprimento do ocm (ML)	26 (20 – 38)	8
Comprimento da Barra ventral (VBL)	54 (34 – 68)	7
Largura da Barra ventral (VBW)	18 (11 – 23)	7
Comprimento da Barra dorsal (DBL)	55 (31 – 66,5)	7
Largura da Barra dorsal (DBW)	13 (10 – 18)	7
Comprimento da raiz a ponta, âncora ventral (VLRP)	42,5 (35 – 48)	7
Comprimento maior âncora ventral (VALO)	39,5 (33 – 44)	7
Base da âncora ventral (VAB)	16 (13 – 20)	7
Comprimento da raiz a ponta, âncora dorsal (DLRP)	34 (28,5 – 42)	7
Comprimento maior âncora dorsal (DALO)	34 (28 – 45)	7
Base da âncora dorsal (DAB)	11 (8 – 13)	7
Comprimento do germário (GL)	63 (38 – 84)	5
Largura do germário (GW)	34 (21 – 53)	5
Comprimento do testículo (TL)	37 (33 – 41)	3
Largura do testículo (TW)	17 (17 – 18)	3
Comprimento do gancho 1 (HOL)	30 (26 – 34)	7
Comprimento do gancho 2-4, 6, 7 (HOL)	32 (26 – 38)	7
Comprimento do gancho 5 (HOL)	12 (10 – 16)	7

Molecular data, evidência filogenética e divergência genética

A sequência parcial do 28S rDNA de *Vancleaveus* n. sp foi obtida com sucesso. A análise filogenética com o método de Máxima Verossimilhança (MV) resultou em uma árvore na qual a maioria dos clados apresentou suporte significativo (figura 2). No contexto filogenético, os monogenoideos parasitas de Doradidae agruparam-se em dois clados distintos (Clado A e Clado B). A nova espécie *Vancleaveus* n. sp. surgiu no Clado A, aninhada com *Vancleaveus janauacaensis* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986, a única espécie do gênero com sequência disponível no GenBank. O gênero *Vancleaveus* foi recuperado como monofilético, porém com baixo suporte (PP = 51), e mostrou uma relação próxima com espécies de *Ameloblastella*, parasitas de Pimelodidae e Heptapteridae, com suporte moderado (PP = 72).

Além disso, *Unibarra paranoplatensis*, também parasita de Pimelodidae, surgiu como grupo divergente inicial ao clado que inclui *Vancleaveus* e *Ameloblastella*, com bom suporte filogenético (PP = 93). Por outro lado, as espécies de *Cosmetocleitrum* foram recuperadas no Clado B como uma linhagem derivada, aninhada com espécies de *Demidospermus*, parasitas de Loricariidae, mas com baixo suporte (PP = <50).

A divergência genética entre as sequências de *Vancleaveus* n. sp. e *V. janauacaensis* foi de 15,2% (234 pb). Em comparação, a divergência genética entre as espécies de *Vancleaveus* e as dos gêneros de Dactylogyridae filogeneticamente relacionados (figura 2), variou de 15,1% a 15,5% (235–246 pb) para *Ameloblastella* e de 16,2% a 16,6% (260–262 pb) para *Unibarra* (Tabela 3).

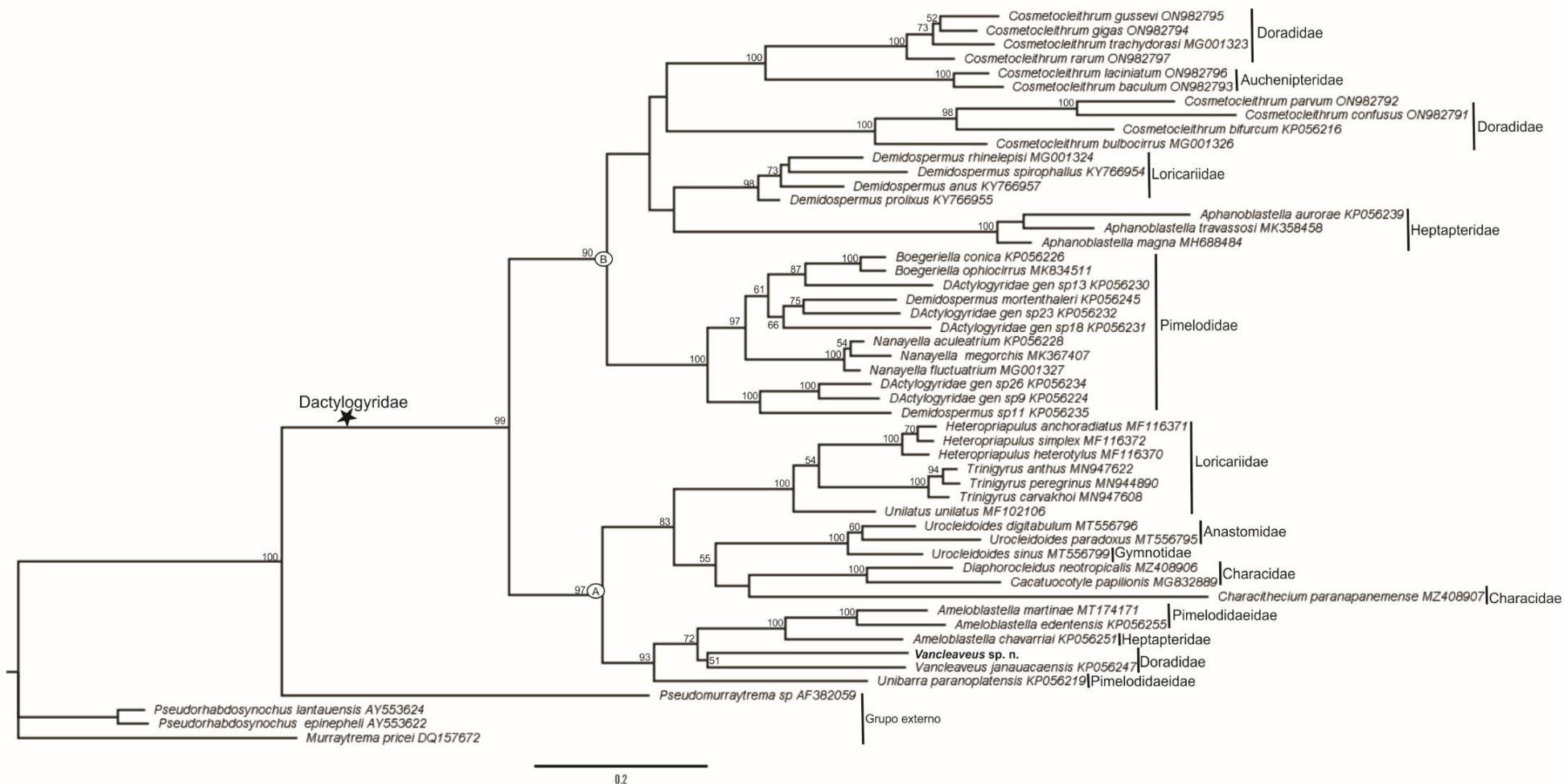


Figura 2. Filogenia molecular de Dactylogyridae estimada por Máxima verossimilhança usando sequências parciais do gene 28S rDNA. Espécie recentemente sequenciada para o presente estudo está em negrito. O nome da espécie precede o ID da sequência do GenBank. Valores de suporte bootstrap são fornecidos acima dos ramos (valores bootstrap <50 não relatados).

Tabela 3. Identidades genéticas pareadas de sequências de 28S rDNA selecionadas de espécies de Dactylogyridae proximamente relacionadas a espécies de *Vancleaveus* ajustadas para dados ausentes.

	1	2	3	4	5	6
1. <i>Unibarra paranoplatensis</i> KP056219		262	260	258	263	266
2. <i>Vancleaveus janauacaensis</i> KP056247	16.6		234	251	251	246
3. <i>Vancleaveus</i> sp. n.	16.2	15.2		235	235	238
4. <i>Ameloblastella chavarriai</i> KP056251	16.2	15.5	14.7		197	202
5. <i>Ameloblastella edentensis</i> KP056255	16.6	15.4	14.9	11.4		104
6. <i>Ameloblastella martinae</i> MT174171	16.5	15.1	14.9	11.6	6.4	

DISCUSSÃO

Atualmente são conhecidas 23 espécies de monogenóideos parasitando peixes doradídeos de três gêneros (i.e. *Cosmetocleithrum*, *Vancleaveus* e *Unibarra*). Todavia, como foi apresentado aqui, essa diversidade ainda é pouco valorizada, pois apenas onze hospedeiros doradídeos foram investigados. Aqui uma nova espécie é proposta e sua relação evolutiva com linhagens de dactilogirídeos neotropicais é apresentada.

O gênero *Vancleaveus* é atualmente representado por cinco espécies válidas, parasitando peixes neotropicais da ordem Siluriformes (Doradidae e Pimelodidae) com graus distintos de especificidade. De acordo com Benovics et al. (2021), os monogenóideos exibem um alto grau de especificidade do hospedeiro. Entretanto, a especificidade parasitária dessas espécies pode variar de acordo com a amplitude de hospedeiros que infectam. Segundo estes autores, elas podem ser classificadas em: estritamente especialista (parasitam somente um hospedeiro), generalista intermediário (parasitam espécies hospedeiras não con-genéricas), especialista intermediário (parasitam espécies hospedeiras con-genéricas) e generalistas (parasitam espécies hospedeiras filogeneticamente distantes).

As espécies *V. fungulus* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 e *V. platyrhynchi* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986, são especialistas intermediários, pois ocorrem exclusivamente em hospedeiros da família Pimelodidae, parasitando espécies congêneres dentro deste grupo. A espécie *V. klasseni* Soares, Neto & Domingues, 2018 é especialista estrito, sendo restritos a hospedeiros da família Doradidae, assim como *Vancleaveus* sp. n. descrita aqui neste trabalho. Por outro lado, *V. cincinnus* Santos & Brasil-Sato, 2006 e *V. janauacaensis* Kritsky, Thatcher &

Boeger, 1986 são generalistas comuns, pois possuem uma distribuição mais ampla e podem parasitar tanto Doradidae quanto Pimelodidae, famílias distintas dentro da ordem Siluriformes.

O gênero *Vancleaveus* foi proposto por Kritsky et al. 1986 para acomodar monogenóideos que infectam bagres siluriformes na bacia do Rio Amazonas. Espécies deste gênero são caracterizadas por terem uma vesícula seminal alongada, vesícula prostática alongada, âncoras dorsais com dobras basais conspícuas nas raízes superficiais, ganchos com hastes infladas ao longo de todo o seu comprimento, vagina ventral compreendendo um tubo com um funil distal discreto e gônadas sobrepostas (Mendoza-Palmero et al., 2012).

A nova espécie apresenta diferenças morfológicas significativas quando comparada com as outras espécies que parasitam especificamente doradídeos, como o formato da barra dorsal apresentando uma projeção posteromedial com algumas ornamentações. Apenas *V. e. V. cicinnus* apresentam esta projeção na barra, entretanto ela é anteromedial; *Vancleaveus* sp. n. apresenta o órgão copulatório masculino tubular, com uma base com tampa, a porção proximal com uma leve curvatura, ligeiramente sigmoide e a porção distal mais alongada e estreita, em uma forma linguiforme. Enquanto *V. janauacaensis* apresenta OCM com cerca de um anel e peça acessória achatada distalmente; *V. cicinnus* possui o OCM em forma de “J”, com uma ligeira curvatura e a *V. klasseni* apresenta OCM em forma de tubo com 2 anéis e a região distal cônica (Kritsky, Thatcher e Boeger, 1986; Soares, Neto e Domingues, 2018).

A árvore filogenética construída com análise de MV mostra que *Vancleaveus* n. sp. agrupa-se com *V. janauacaensis*, a espécie-tipo do gênero, confirmando que nossa nova espécie pertence a *Vancleaveus*. Todavia, a divergência genética entre *Vancleaveus* n. sp. e *Vancleaveus janauacaensis* é de 15,2% (234 pb), um valor considerável como já verificado dentro do grupo. Esse nível de divergência apoia a ideia de que *Vancleaveus* n. sp. representa uma espécie distinta e não apenas uma variação intraespecífica. Dessa forma, a combinação de dados morfológicos e moleculares reforça a validação da nova espécie dentro do gênero.

A relação evolutiva entre os gêneros *Vancleaveus* e *Cosmetocleitrum* é claramente distinta, apesar de ambos ocorrerem em hospedeiros da família Doradidae. Os dados moleculares mostram que suas histórias evolutivas seguem em caminhos diferentes. Isso fica claro na filogenia (Figura 2), onde ambos os gêneros aparecem em clados distintos, ou seja, linhagens diferentes. Esse resultado está alinhado com estudos anteriores, como Mendoza-Palmero et al. (2015, 2022) que também indicam linhagens separadas para esses parasitas.

A descoberta da nova espécie *Vancleaveus* **sp. n.** e sua descrição neste estudo amplia a compreensão sobre a diversidade do gênero *Vancleaveus*, haja visto que é a primeira ocorrência de uma espécie deste gênero parasitando as brânquias de *Doras higuchii* da bacia do rio Xingu. O presente estudo ressalta a necessidade de mais estudos sobre a fauna de monogenédeos que parasitam peixes neotropicais, em especial na bacia amazônica. É fundamental que futuras investigações sejam realizadas utilizando além dos caracteres morfológicos, dados moleculares para esclarecer as relações filogenéticas dentro do gênero e compreender melhor os padrões de distribuição desses parasitos e de seus hospedeiros.

CONCLUSÃO

O presente trabalho contribuiu significativamente para o conhecimento sobre a diversidade de espécies de monogenódeos associados a família Doradidae nas águas brasileiras, em particular nas drenagens da bacia Amazônica. A obtenção da sequência parcial do 28s rDNA e a análise filogenética, assim como os dados morfológicos que também apresentaram diferenças consideráveis em relação às demais espécies conhecidas do gênero, confirmaram a validade da nova espécie dentro do gênero *Vancleaveus*. Este achado reforça a importância do uso da taxonomia integrativa, que combina análises morfológicas e moleculares para a identificação e classificação mais precisa dessas espécies.

REFERÊNCIAS

Acosta A. A., Fraceschini L., Zago A. C., Scholz T., Silva R. J. (2017) Six new species of *Heteropriapulus* (Monogenea: Dactylogyridae) from South American fishes with an amended diagnosis of the genus. *Zootaxa*, 4290, 459–482.

Acosta A. A., Scholz T., Blasco-Costa I., Alves P. V., da Silva R. J. (2018) A new genus and two new species of dactylogyrid monogeneans from gills of Neotropical catfishes (Siluriformes: Doradidae and Loricariidae). *Parasitology International* 67(1): 4–12. <https://doi.org/10.1016/j.parint.2017.09.012>

Acosta A. A., Mendoza-Palmero C. A., Silva R. J., Scholz T. (2019) A new genus and four new species of dactylogyrids (Monogenea), gill parasites of pimelodid catfishes

(Siluriformes: Pimelodidae) in South America and the reassignment of *Urocleidoides megorchis* Mizelle et Kritsky, 1969. *Folia Parasitologica*, 66, 004.

Acosta, A. A., Smit, N. J., & da Silva, R. J. (2020). Diversity of helminth parasites of eight siluriform fishes from the Aguapeí River, upper Paraná basin, São Paulo state, Brazil. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 11, 120-128.

Bánki, O., Roskov, Y., Döring, M., Ower, G., Hernández Robles, D. R., Plata Corredor, C. A., Stjernegaard Jeppesen, T., Örn, A., Pape, T., Hobern, D., Garnett, S., Little, H., DeWalt, R. E., Ma, K., Miller, J., Orrell, T., Aalbu, R., Abbott, J., Adlard, R., et al. (2025). *Catalogue of Life* (Version 2025-02-13). Catalogue of Life, Amsterdam, Netherlands. <https://doi.org/10.48580/dgnfb> Acesso em 10 mar. 2025

Birindelli, J. L. O. (2010). Relações filogenéticas da superfamília Doradoidea (Ostariophysi, Siluriformes). *Unpublished Ph. D. Dissertation, Universidade de São Paulo, São Paulo*, 387p.

Boeger, W. A., & Kritsky, D. C. (1997). Coevolution of the Monogenoidea (Platyhelminthes) based on a revised hypothesis of parasite phylogeny. *International Journal for Parasitology*, 27(12), 1495-1511.

Boeger W. A., Vianna R. T., Thatcher V. E. (2006): Monogenoidea. In: Aquatic Biodiversity in Latin America. Amazon fish parasites (Second edition), PENSOFT PUBLISHERS, Sofia-Moscow, pp 42–116.

Benovics, M., Nejat, F., Abdoli, A., & Šimková, A. (2021). Molecular and morphological phylogeny of host-specific Dactylogyrus parasites (Monogenea) sheds new light on the puzzling Middle Eastern origin of European and African lineages. *Parasites & Vectors*, 14, 1-15.

Brabec, J.; Salomaki, E. D.; Kolísko, M.; Kuchta, R. (2023). A evolução do endoparasitismo e ciclos de vida complexos em platelmintos parasitas. *Current Biology*. 33(19): 4269-4275.e3. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.08.064>.

Casemiro F. A. S., Albert J. S. , Antonelli A., Menegotto A., Wüest R. O., Cerezer F., Coelho M. T. P., Reis R. E., Tan M., Tagliacollo V., Bailly D., da Silva V. F. B., Frota A., da Graça W. J, Ré R., Ramos T., Oliveira A. G, Dias M. S, Colwell R. K, Rangel T. F., Graham

C. H. (2023). Landscape dynamics and diversification of the megadiverse South American freshwater fish fauna. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 120, e2211974120.

Cohen, S. C., Cárdenas, M. Q., Justo, M. C. N., Melchior, L. A. K., Meneguetti, D. U. O., Camargo, L. M. A., & Oliveira, J. (2021). Checklist de Monogenoidea parasitos de peixes Siluriformes do Brasil. *Atualidades em Medicina Tropical na América do Sul: Veterinária (1st edn)*. Editora Stricto Sensu, 28-48.

Dagosta, F.C.P., Pinna, M. (2019). The fishes of the amazon: distribution and biogeographical patterns, with a comprehensive list of species. *Bulletin of The American museum of Natural History*, 431: 1-163.

Darriba D, Taboada GL, Doallo R and Posada D (2012) jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods* 9, 772.

de Aguiar, J. C. C., Domingues, M. V., Silva, W., Ceccarelli, P. S., Adriano, E. A., & Soares, G. B. (2022). Morphology and molecular phylogeny of *Pauciconfibuloides amazonica* gen. n. sp. n. (Platyhelminthes, Monogenoidea) parasitizing the Amazonian croaker *Plagioscion squamosissimus*. *Parasitology International*, 87, 102489.

De Sousa Silva, A. L., de Meneses, Y. C., de Oliveira Martins, W. M., Cohen, S. C., da Costa, A. P., & Justo, M. C. N. (2023). Dactylogyrids (Platyhelminthes, Monogenea) from the gill lamellae of doradids (Siluriformes) with description of five new species of *Cosmetocleithrum* and new geographical distribution for known species from the Neotropical Region, Brazil. *Parasite*, 30.

Feronato, S. G., Razzolini, E., Morey, G. A. M., & Boeger, W. A. (2022). Neotropical Monogenoidea 64. *Cosmetocleithrum falsunilatum* sp. n. (Monogenoidea, Dactylogyridae) parasite of the gills of *Megalodoras uranoscopus* (Siluriformes, Doradidae) from the Solimoes river, near Iquitos, Peru. *Systematic Parasitology*, 99(3), 341-346.

Franceschini L., Acosta A. A., Zago A. C., Müller M. I., Silva, R. J. (2020) *Trinigyrus* spp. (Monogenea: Dactylogyridae) from Brazilian catfishes: new species, molecular data and new morphological contributions to the genus. *Journal of Helminthology*, 94, e126.

Franceschini L., Zago A. C., Müller M. I., Francisco C. J., Takemoto R. M., Silva R. J. (2018) Morphology and molecular characterization of *Demidospermus spirophallus* n. sp., D.

proxilus n. sp. (Monogenea: Dactylogyridae) and a redescription of *D. anus* in siluriform catfish from Brazil. *Journal of Helminthology*, 92, 228–234.

Giarrizzo, T., de Sena Oliveira, R. R., Costa Andrade, M., Pedrosa Gonçalves, A., Barbosa, T. A. P., Martins, A. R., ... & Melo de Sousa, L. (2015). Length–weight and length–length relationships for 135 fish species from the Xingu River (Amazon Basin, Brazil). *Journal of Applied Ichthyology*, 31(2), 415–424.

Guindon, S., Dufayard, J. F., Lefort, V., Anisimova, M., Hordijk, W., & Gascuel, O. (2010). New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic biology*, 59(3), 307–321.

Hoai, T. D. (2020). Reproductive strategies of parasitic flatworms (Platyhelminthes, Monogenea): The impact on parasite management in aquaculture. *Aquaculture International*, Springer.

Humason, G.L. (1979) Animal Tissue Technies. 4^a Ed. Freeman and Company, San Francisco, 661 pp.

Justo, M. C. N., de Oliveira Martins, W. M., & Cohen, S. C. (2023). A New Species of *Unibarra* (Monogenoidea, Dactylogyridae) Parasite of *Oxydoras niger* From Juruá River, State of Acre, Brazil and New Data for *U. paranoplatensis*. *Acta Parasitologica*, 68(2), 439–446.

Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C, Thierer T, Ashton B, Meintjes P and Drummond A (2012) Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics* 28, 1647–1649.

Kritsky D. C., Thatcher V. E, Boeger W. A. (1986). Neotropical Monogenea. 8. Revision of *Urocleidoides* (Dactylogyridae, Ancyrocephalinae). *Proceedings of the Helminthological Society of Washington*, 53: 1–37.

Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870–1874.

Lockyer, A. E., Olson, P. D., & Littlewood, D. T. J. (2003). Utility of complete large and small subunit rRNA genes in resolving the phylogeny of the Neodermata (Platyhelminthes): implications and a review of the cercomer theory. *Biological Journal of the Linnean Society*, 78(2), 155–171.

Luque, J.L., Aguiar, J.C., Vieira, F.M., Gibson, D.I., Santos, C.P. (2011) Checklist of Nematoda associated with the fishes of Brazil. *Zootaxa*, 3082: 1-88.

Mendoza-Palmero C. A., Acosta A. A., Scholz T. (2022) Molecular phylogeny of *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 (Monogeneoidea: Dactylogyridae), gill parasites of Neotropical catfishes (Siluriformes). *Journal of Helminthology*, 96, E56.

Mendoza-Palmero, C. A., Scholz, T., Mendoza-Franco, E. F., & Kuchta, R. (2012). New species and geographical records of dactylogyrids (Monogenea) of catfish (Siluriformes) from the Peruvian Amazonia. *Journal of Parasitology*, 98(3), 484-497.

Mendoza-Palmero C. A., Blasco-Costa I., Scholz T. (2015) Molecular phylogeny of neotropical monogeneans (Platyhelminthes: Monogenea) from catfishes (Siluriformes). *Parasit Vectors* 8:164

Mendoza-Franco E. F, Mendoza-Palmero C. A., Scholz T. (2016) New species of *Ameloblastella* Kritsky, Mendoza-Franco & Scholz, 2000 and *Cosmetocleithrum* Kritsky, Thatcher & Boeger, 1986 (Monogenea: Dactylogyridae) infecting the gills of catfishes (Siluriformes) from the Peruvian Amazonia. *Systematic Parasitology* 93: 847–862. <https://doi.org/10.1007/s11230-0>

Morey, G. A. M., Rojas, C. A. T., & Cachique, J. C. Z. (2022). *Cosmetocleithrum infinitum* sp. n. (Monogeneoidea: Dactylogyridae) parasite of the gills of *Anadoras grypus* (Siluriformes: Doradidae) from the Amazonas river, in Loreto, Peru. *Systematic Parasitology*, 99(6), 683-688.

Nelson, J. S., Grande, T. C., & Wilson, M. V. (2016). *Fishes of the World*. John Wiley & Sons.

Plaisance, L., Littlewood, D. T. J., Olson, P. D., & Morand, S. (2005). Molecular phylogeny of gill monogeneans (Platyhelminthes, Monogenea, Dactylogyridae) and colonization of Indo-West Pacific butterflyfish hosts (Perciformes, Chaetodontidae). *Zoologica Scripta*, 34(4), 425-436.

Rambaut A (2008) FigTree v1.1.1: tree figure drawing tool. Available at <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.

Sabaj, M. H., & Arce H, M. (2021). Towards a complete classification of the Neotropical thorny catfishes (Siluriformes: Doradidae). *Neotropical Ichthyology*, 19(04), e210064.

Sabaj Pérez, M. H.; Birindelli, J.L.O. 2008. Taxonomic revision of extant *Doras Lacepède*, 1803 (Siluriformes: Doradidae) with description of three new species. *Proc. Acad. Nat. Sci. Phila.* 15(1):189-233.

Soares GB, Adriano EA, Domingues MV, Balbuena JA (2023a) Diversification processes between monogenoids (Dactylogyridae) and their marine catfish (Siluriformes: Ariidae) from the Atlantic coast of South America. *Parasitology*, 150, 2 184-194.

Soares, G. B., Martins, M. F., Vianna, R. T., Domingues, M. V. and Adriano, E. A. (2023b) Morphology and molecular phylogeny of *Chauhanellus* Bychowsky & Nagibina, 1969 (Monogeneoidea) parasitizing marine catfish (Ariidae) from the Atlantic coast of South America: a new species, supplementary taxonomic information, and new insights. *Journal of Helminthology* 97, 1–14.

Soares, G. B., Santos Neto, J. F. D., & Domingues, M. V. (2018). Dactylogyrids (Platyhelminthes: Monogeneoidea) from the gills of *Hassar gabiru* and *Hassar orestis* (Siluriformes: Doradidae) from the Xingu Basin, Brazil. *Zoologia (Curitiba)*, 35, e23917.

Soares G. B., Domingues M. V. and Adriano E. A. (2021). An integrative taxonomic study of *Susanlimocotyle narina* n. gen. n. sp. (Monogeneoidea, Dactylogyridae) from the nasal cavities of a marine catfish (Siluriformes, Ariidae) from the Atlantic Amazon Coast of Brazil and new molecular data of *Chauhanellus* spp. *Parasitology International* 81(1), 102271.

Thatcher, V. E. (2006). *Amazon fish parasites* (Vol. 1). Pensoft Publishers.

Zago A. C, Yamada F. H., Yamada P. O. F., Franceschini L., Bongiovani M. F., Silva R. J. (2020) Seven new species of *Urocleidoides* (Monogenea: Dactylogyridae) from Brazilian fishes supported by morphological and molecular data. *Parasitology Research*, 119, 3255–3283.