

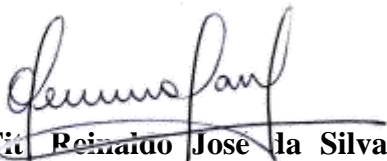
PROJETO DE PESQUISA

Acordos de Cooperação / FAPs / FAPEAL - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas / FAPEAL - Projeto de Pesquisa - Regular / Chamada de Propostas (2019)

RELATÓRIO PARCIAL¹

O CONHECIMENTO DA FAUNA PARASITÁRIA DOS PEIXES E O SEU USO NO PROCESSO DE GESTÃO DE RECURSOS HÍDRICOS E IMPACTOS AMBIENTAIS

Pesquisador Responsável (FAPESP):



Prof. Tit. Renato Jose da Silva - Docente do Instituto de Biociências, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Programa de Pós-graduação em Zoologia

Pesquisador Responsável (FAPEAL):



Prof. Dr. Rodney Kozlowiski de Azevedo - Docente do Centro Universitário CESMAC, Programa de Pós-graduação em Análise de Sistemas Ambientais

Instituições onde estão sendo desenvolvidas as atividades:

Centro Universitário CESMAC, Maceió, AL

Instituto de Biociências, Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Botucatu, SP

Processo: 2019/25223-9

Período de vigência: 01/02/2021 a 31/01/2023

Período coberto pelo Relatório Científico: 01/02/2021 a 31/03/2022

¹ Relatório elaborado conjuntamente pelos responsáveis e apresentado como relatório parcial de atividades para ambas as Fundações de Amparo à Pesquisa: FAPESP e FAPEAL

RESUMO DO PLANO INICIAL

Os ambientes estuarinos são locais de alta produtividade e diversidade. Os diferentes perfis q estas regiões apresentam propiciam a fixação de muitos organismos, que estarão expostos às altas variabilidades químicas e físicas presentes nos estuários. Nos entornos de grande parte dos estuários brasileiros ocorre, há muitos anos, o estabelecimento de muitos grupamentos humanos, que promovem os mais diversos tipos de degradação ambiental. Além da capital do estado do Alagoas, outros municípios cresceram ao redor da lagoa Mundaú e Manguaba, as quais têm ligação direta com o mar, sendo ambientes tipicamente estuarinos. A diminuição dos estoques pesqueiros na região é marcante, com o desaparecimento de algumas espécies. Além disso, a população tradicional que depende do pescado para sua subsistência corre o risco de consumir elementos tóxicos provenientes das diversas indústrias, do esgoto não tratado, e de todo lixo que é carregado para dentro das lagoas e de seus afluentes, já que tais poluentes podem ser acumulados ao longo da cadeia trófica. Para se determinar os níveis biológicos dos poluentes no meio ambiente tem-se utilizado organismos bioindicadores e bioacumuladores, em conjunto com as análises físico-químicas de água e sedimentos, as quais descrevem principalmente as concentrações totais dos respectivos poluentes no ambiente. Os parasitos de peixes têm sido considerados como bons bioindicadores de acumulação, pois a poluição ambiental afeta significativamente sua distribuição e patogenicidade. Assim, este trabalho tem como objetivo utilizar os parasitos das espécies de peixes dominantes no Complexo-Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba como possíveis bioindicadores de contaminação ambiental. Para isso, coletas dos hospedeiros ocorrerão em período chuvoso e seco, para se observar se houve diferença nas comunidades parasitárias, considerando que a água da chuva altera ainda mais a dinâmica das lagoas. Os parasitos serão coletados, identificados, e tanto estes quanto amostras de tecidos de seus peixes hospedeiros serão analisados em relação à sua capacidade de bioacumulação de certos elementos, principalmente metais. Os resultados esperados contribuirão para aumentar o conhecimento a respeito de processos bioacumulativos de poluentes no ambiente aquático, além de se obter informações sobre a diversidade de organismos parasitos na região, visto que trabalhos envolvendo esta temática são escassos.

ATIVIDADES REALIZADAS NO PERÍODO DO RELATÓRIO

MATERIAL E MÉTODOS

1. Coleta das espécies hospedeiras e dados limnológicos

Foram realizadas seis coletas de peixes e amostras de água no Complexo-Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba, as quais foram assessoradas por pescadores artesanais da região. Os pontos onde foram realizadas as coletas de peixes e de água estão demonstrados nas Figuras 1 e 2 e Tabela 1. As localidades, nome das espécies de peixes coletados e n amostral estão explanadas na Tabela 2.

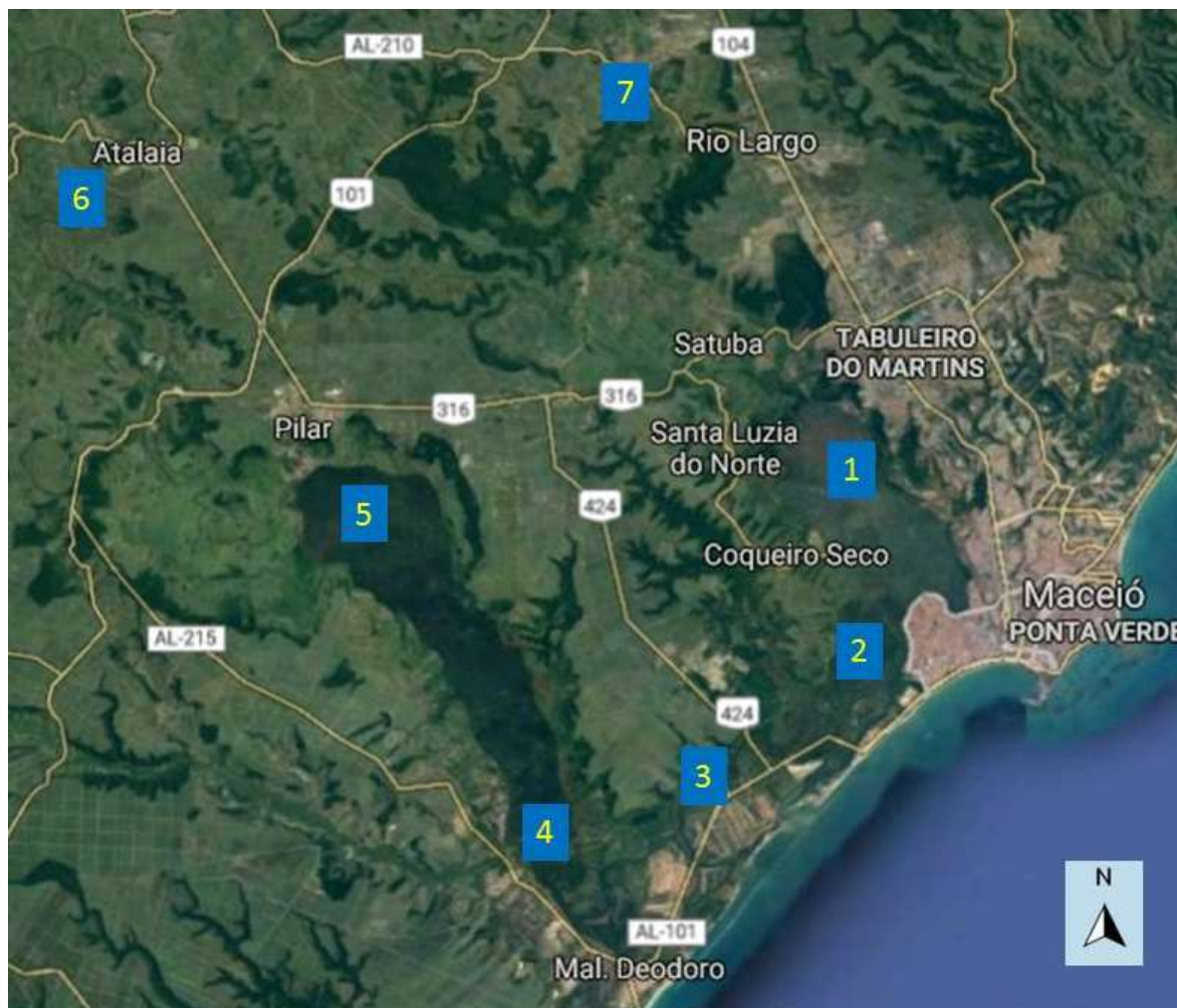


Figura 1. Pontos de coleta de peixes no Complexo-Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba.

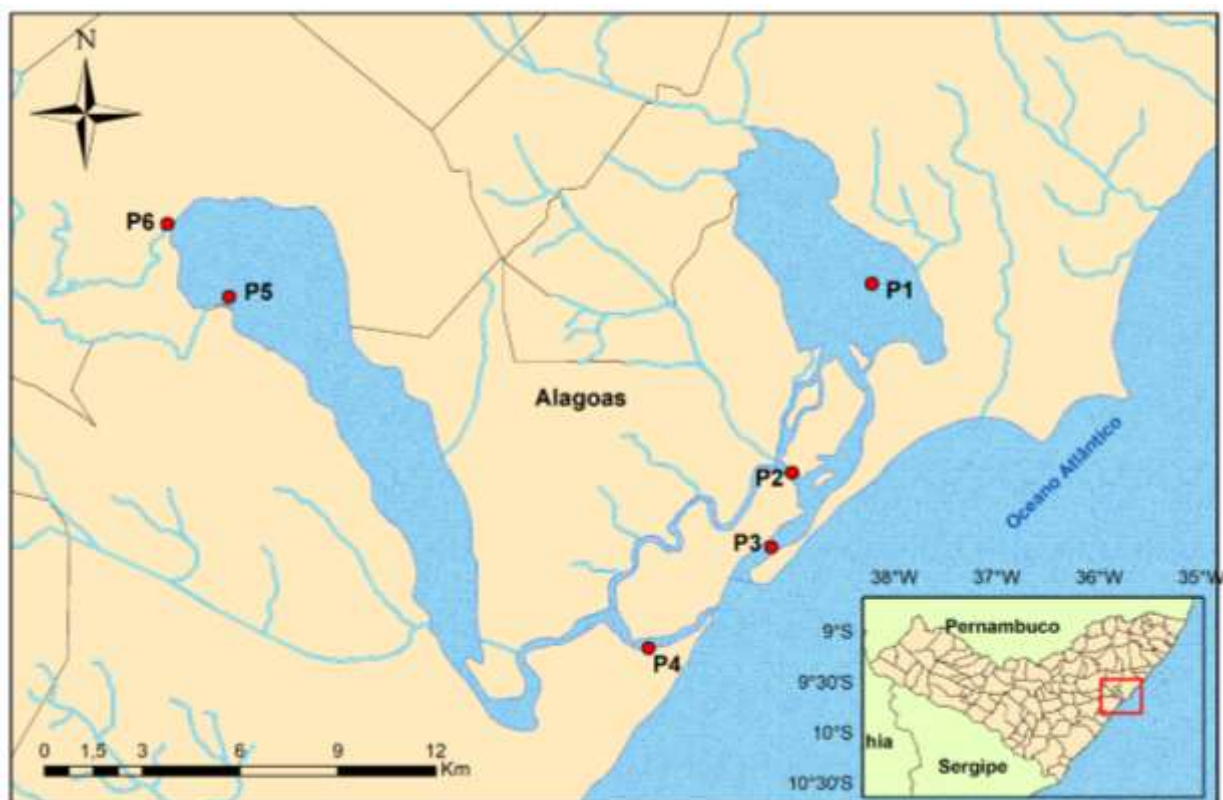


Figura 2. Pontos de coleta da água no Complexo-Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba.

Tabela 1. Pontos de coleta de água e suas respectivas localidades

PONTO	LOCAL	LATITUDE	LONGITUDE
P1	Lagoa Mundaú próximo ao Dique Estrada	9° 40' 26.184" S	35° 46' 9.908" W
P2	Lagoa Mundaú próximo à área de manguezais	9° 41' 8.657" S	35° 47' 17.063" W
P3	Pontal da barra	9° 42' 23.782" S	35° 47' 37.226" W
P4	Riacho Breião	9° 44' 5.093" S	35° 49' 39.439" W
P5	Lagoa Manguaba próximo à área verde	9° 36' 58.759" S	35° 57' 37.242" W
P6	Foz do Rio Paraíba do Meio	9° 38' 11.936" S	35° 56' 35.945" W

Tabela 2. Localidade, nome científico dos hospedeiros e *n* amostral coletado no Complexo-Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba.

Localidade	Nome científico do hospedeiro	Nome vulgar do hospedeiro	Peixes coletados	Peixes analisados
Rio Mundaú	<i>Hoplias malabaricus</i> (Bloch, 1794)	Traíra	10	3
Rio Paraíba do Meio	<i>Rhamdia</i> sp.	Bagre	10	1
Lagoa Mundaú	<i>Trichiurus lepturus</i> Linnaeus, 1758	Peixe agulha	15	3
	<i>Caranx latus</i> Agassiz, 1831	Xeréu	20	5
	<i>Mugil curema</i> Valenciennes, 1836,	Tainha	18	18
	<i>Scomberomorus cavalla</i> Cuvier, 1829	Peixe-serra	3	3
	<i>Eugerres brasilianus</i> Cuvier, 1830	Carapeba	20	20
	<i>Centropomus undecimalis</i> (Bloch, 1792)	Robalo	3	3
Lagoa Manguaba	<i>Mugil curema</i> Valenciennes, 1836,	Tainha	10	5
	<i>Eugerres brasilianus</i> Cuvier, 1830	Carapeba	15	15
	<i>Centropomus undecimalis</i> (Bloch, 1792)	Robalo	2	1

Análise físico-química da água

As amostras de água foram coletadas nas lagoas Manguaba e Mundaú, bem como, em seus riachos próximos. Foram escolhidos 6 pontos de coleta, em diferentes localidades e suas coordenadas geográficas foram determinadas a por meio de GPS. Todos os pontos estudados fazem parte da Região Hidrográfica do Complexo Estuarino Lagunar Mundaú-Manguaba.

As avaliações químicas foram realizadas *in situ*, logo após a coleta utilizando um fotômetro multiparâmetros para determinação do pH, nitrito, nitrato, amônia e fosfato. Para a determinação de oxigênio dissolvido foi utilizado um medidor de oxigênio dissolvido portátil.

Espectrometria de Massa com Plasma Acoplado Indutivamente (ICP-MS)

Dos hospedeiros coletados, a espécie escolhida para a análise de elementos-traço foi *Mugil curema*, já que conseguimos coletar peixes nas Lagoas Mundaú e Manguaba. Estão sendo retiradas amostras individuais dos peixes infectados dos tecidos muscular, fígado e intestino (aproximadamente 600 mg) e de seus parasitos. As amostras retiradas até o momento foram lavadas com água deionizada e congeladas a -20°C até o momento da análise para recuperação dos metais.

Coleta, processamento e determinação dos parasitos

Até o momento, somente parte dos peixes coletados, foi necropsiada. Os demais espécimes estão armazenados em freezer para futuras necropsias e continuação do projeto.

A seguir será descrita a metodologia usada com este material já necropsiado. O corpo, as nadadeiras, as narinas, a boca, os olhos e a face interna dos opérculos das espécies de peixes coletados em cada ponto amostral foram examinados para a localização de possíveis ectoparasitos, como os monogenéticos e copépodes. Após esta etapa as brânquias foram retiradas e submersas em solução de formalina 1:4000. O recipiente foi agitado aproximadamente 50 vezes e, após mais ou menos uma hora, o conteúdo foi passado através de uma peneira, de malha de 53 e 75 micrômetros, e em seguida, para uma placa de Petri com solução salina fisiológica (NaCl 0,65%), quando então os parasitos foram coletados ao estereomicroscópio (EIRAS et al., 2006).

Os monogenéticos coletados foram fixados e conservados em formalina 5% e depois corados com Tricrômico de Gomori, diafanizados em creosoto de faia, antes da montagem em bálsamo do Canadá. Para o estudo das estruturas esclerotizadas alguns espécimes foram montados em meio Grey & Wess. Os copépodes parasitos foram fixados e conservados em álcool 70° GL e clarificados em ácido láctico. Os branquiúros foram fixados e conservados em

álcool 70° GL. Preparações temporárias foram feitas em ácido láctico. Os isópodes foram fixados em formalina a 10% (por 24 horas) e conservados em álcool 70° GL.

Em seguida, através de uma incisão longitudinal na superfície ventral dos indivíduos, todos os órgãos foram retirados e separados. A cavidade visceral e cada órgão foram examinados sob microscópio estereoscópico para a coleta de endoparasitos.

Os digenéticos, cestoides, nematoides e acantocéfalos coletados foram fixados e conservados diretamente em álcool 70%, conforme Eiras et al. (2006). Alguns parasitos foram armazenados em etanol absoluto para sua caracterização genética por meio de análises moleculares que serão realizadas no Cesmac e UNESP.

Análise molecular dos parasitos

A análise molecular, pela técnica de *Polymerase chain reaction* (PCR), foi realizada até o momento, para o gênero *Hysterothylacium* (Nematoda) e para os taxa *Schikhobalotrema*, *Digenea* gen. sp. e *Pseudocryptogonimus* (Trematoda).

O DNA foi extraído com o kit DNeasy® Blood and Tissue (Qiagen, Hilden, Alemanha) de acordo com as instruções do fabricante, com volume final de 50 µl. As reações de PCR para as regiões 18S, 28S e ITS2 foram realizadas utilizando 3 µl de extrato de DNA, 1 µl de cada primer, 7,5 µl de água ultrapura (Sigma-Aldrich, Reino Unido) e 12,5 µl Master Mix MyFi™ Mix Bioline®, com um final volume de 25 µl.

As regiões D1-D3 do rDNA 28S foram amplificadas usando os primers LSU5 (5'-TAG GTC GAC CCG CTG AAYTTA AGC-3') (Littlewood et al., 2000) e ECD2 (5'-CTT GGT CCG TGT TTC AAG ACG GG-3') (Littlewood et al., 2000), usando as seguintes condições de ciclagem: uma desnaturação inicial de 95°C por 4 min, seguida por 30 ciclos de desnaturação de 95°C por 1 min, anelamento a 58°C por 1 min, 72°C de extensão por 2 min, seguido por um único ciclo de desnaturação a 95°C por 1 min, anelamento a 57°C por 45s e uma extensão final a 72°C por 4 min. A região ITS2 foi amplificada usando os primers 3S (5'-GGTACC GGT GGATCA CGT GGC TAG TG-3') (Bowles et al., 1993) e ITS2 .2 (5'-CCT GGT TAG TTT CTT TTC CTC CGC-3') (Cribb et al., 1998), usando as seguintes condições de ciclagem: um único ciclo inicial de desnaturação a 95°C por 3 min, anelamento a 45°C por 2 min, extensão a 72°C por 90 s, seguido de 4 ciclos de desnaturação a 95°C por 45s, anelamento a 50°C por 45s, extensão a 72°C por 90s, seguido de 30 ciclos de desnaturação a 95°C por 20s, anelamento a 52°C por 20s, extensão a 72°C por 90s, seguido de uma extensão de 72°C por 5 min. O 18S rDNA parcial foi amplificado usando os primers WormA (5'-GCG AAT GGC TCA TTA AAT CAG-3') (Littlewood e Olson 2001) e WormB (5'-CTT GTT ACG ACT TTT ACT TCC-3')

(Littlewood e Olson 2001) usando as seguintes condições de ciclagem: uma desnaturação inicial a 94°C por 3 min, seguida de 40 ciclos de desnaturação a 94°C por 30s, anelamento a 54°C por 30s, extensão a 72°C por 2min e uma extensão de 72°C por 10min. O mtDNA *Cox1* foi amplificado usando os primers COIF (5'-TTTTTTGGTCATCCTGAGGTTTAT-3') (Chen et al. 2018) e COIR (5'-ACATAATGAAAATGACTAACAAC-3') (Chen et al. 2018) usando as seguintes condições de ciclagem: uma desnaturação inicial a 94°C por 5 min, seguida de 40 ciclos de desnaturação a 92°C por 30s, anelamento a 47°C por 45s, extensão a 72°C por 90s e uma extensão de 72°C por 10min.

Os produtos de PCR foram submetidos à eletroforese em gel a 80 V em gel de agarose 1,5%, corados com Gel Red e observados em transiluminador ultravioleta. Os produtos de interesse foram purificados pela adição de 2 µL de ExoSAP-IT® (Affymetrix, Santa Clara, CA, EUA) a 5 µL de produto de PCR de acordo com as recomendações do fabricante. O sequenciamento foi realizado com os mesmos primers usados para amplificar as regiões 18S, 28S e ITS2 no PCR, bem como os primers internos 18S rDNA adicionais: 1270R (5'-CCG TCA ATT CCT TTA AGT-3') (Littlewood and Olson 2001) e 1100F (5'-CAG AGG TTC GAA GAC GAT C-3') (Littlewood and Olson 2001) em um sequenciador capilar 3.500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) usando BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v.3.1 (Applied Biosystems) de acordo com as recomendações do fabricante.

As sequências recém-geradas foram montadas e editadas usando o Sequencher v.5.2.4 (Gene Codes, Ann Arbor, MI, EUA). E então submetido ao algoritmo BLASTn disponível no banco de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) para identificação preliminar.

Schikhobalotrema

As sequências foram alinhadas junto com outras sequências da ordem Haplospalanchnata recuperadas do banco de dados GenBank. Sequências de espécies da ordem Plagiorchiida: *Paraschistorchis zancli* (Hanson, 1953) Blend, Karar & Dronen, 2017 e *Psilochasmus oxyurus* (Creplin, 1825) Lühe, 1909, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

Alinhamentos para as sequências de rDNA 18S e 28S foram realizados separadamente com Muscle (Edgar, 2004) e aparados para corresponder ao menor comprimento de sequência. Os alinhamentos resultantes foram concatenados no Geneious 7.1.3 (Kearse et al., 2012). O modelo de substituição de nucleotídeos mais adequado para o conjunto de dados foi K2 + G

para 18S e GTR + G para o 28S, selecionado no software JModelTest (Posada, 2008) usando o critério de informação de Akaike.

Digenea gen. sp.

As sequências foram alinhadas junto com outras sequências de Monorchiiidae recuperadas do banco de dados GenBank. Sequências de *Opisthorchis_felineus* (Rivolta, 1884) Blanchard, 1895 e *Opisthorchis viverrini*, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

O alinhamento das sequências 28S foi realizado usando os parâmetros padrão do algoritmo Muscle (Edgar, 2004) implementado no Geneious 7.1.3 (Kearse et al., 2012). O modelo de substituição de nucleotídeos mais adequado para o conjunto de dados foi GTR + G + I, selecionado no software JModelTest (Posada, 2008) usando o critério de informação de Akaike.

Pseudocryptogonimus

As sequências foram alinhadas junto com outras sequências de Cryptogonimidae recuperadas do banco de dados GenBank. Sequências de *Lepocreadium album* (Stossich, 1890) Stossich, 1904 e *Lepocreadium opsanusi* Sogandares & Hutton, 1960, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

O alinhamento das sequências 28S foi realizado usando os parâmetros padrão do algoritmo Muscle (Edgar, 2004) implementado no Geneious 7.1.3 (Kearse et al., 2012). O modelo de substituição de nucleotídeos mais adequado para o conjunto de dados foi GTR + G + I, selecionado no software JModelTest (Posada, 2008) usando o critério de informação de Akaike.

Hysterothylacium

As sequências foram alinhadas junto com outras sequências de Ascaridoidea recuperadas do banco de dados GenBank. Sequências de *Labiostrongylus rauschi* Akhtar 1956, pertencente a superfamília Oxyuroidea foi usada como grupo externo para o alinhamento.

O alinhamento das sequências COI 1 foi realizado usando os parâmetros padrão do algoritmo Muscle (Edgar, 2004) implementado no Geneious 7.1.3 (Kearse et al., 2012). O modelo de substituição de nucleotídeos mais adequado para o conjunto de dados foi HKY + G + I, selecionado no software JModelTest (Posada, 2008) usando o critério de informação de Akaike.

Análise filogenética

As árvores filogenéticas dos *taxa* analisados foram obtidas por Maximum Likelihood (ML) e Inferência Bayesiana (BI). A BI foi realizada com MrBayes 3.2 (Ronquist et al., 2012) na plataforma online CIPRES. A cadeia de Markov Monte Carlo (MCMC) foi executada com 50.000.000 gerações salvando uma árvore a cada 1.000 gerações, com um burn-in de 25% das árvores. Apenas nós com probabilidades posteriores superiores a 75% foram considerados bem suportados. As análises filogenéticas usando a máxima verossimilhança foram executadas em RAxML (Guindon & Gascuel, 2003) na plataforma online CIPRES com 10.000 réplicas de bootstrap. Apenas nós com valores de bootstrap superiores a 75% foram considerados bem suportados. As árvores de ML e BI foram visualizadas e editadas no software FigTree v. 1.3.1 (Rambaut, 2009).

RESULTADOS PARCIAIS

Análise físico-química da água

Determinação do pH

O pH é frequentemente utilizado como indicador de contaminação ambiental. O CONAMA recomenda que o pH adequado para preservação da vida marinha, esteja na faixa de 6,0 a 9,0. Os resultados das análises das distintas localidades revelaram águas em condições próximas a neutralidade e dentro da faixa adequada, com valores de variando de 6,0 a 6,5 (Tabela 3).

Tabela 3. Determinação do pH nos pontos de coleta

Ponto	P1	P2	P3	P4	P5	P6
pH	6,1	6,0	6,4	6,0	6,5	6,0

Teores de amônia, nitrito e nitrato

Níveis elevados de amônia podem indicar decomposição de matéria orgânica proveniente da falta de saneamento, e como ela é a primeira etapa na oxidação dos derivados inorgânicos do nitrogênio, sua detecção pode estar relacionada a uma contaminação recente. O valor máximo de amônia permitido em água salobra classe 1 é de 0,4 mg/L, segundo a Resolução nº 357 do CONAMA. Como observado na Tabela 4, mesmo com a alta quantidade

de esgotos sendo lançados no complexo estuarino, os teores de amônia não ultrapassaram os níveis desejados para essa classe de água.

Já o nitrito é um estado intermediário de oxidação do nitrogênio, pois é gerado a partir da oxidação da amônia, ou também pela redução do nitrato. Esses processos ocorrem naturalmente nos corpos hídricos e seu valor máximo permitido em água salobra classe 1 é de 0,07 mg/L. Assim como a amônia, os teores de nitrato não ultrapassaram os limites determinados pela legislação vigente.

O nitrato é a última etapa de oxidação dos derivados inorgânicos do nitrogênio. Níveis elevados de nitrato em corpos hídricos podem indicar uma contaminação mais antiga. Seu valor máximo permitido é de 0,4 mg/L para águas salobras classe 1. Dos 6 pontos analisados, apenas 2 tiveram seus níveis de nitrato superiores àqueles determinados pela legislação (P4 e P6). A proximidade com o oceano (P4) pode fazer com que os níveis de fosfato aumentem, bem como o uso de fertilizantes no plantio de cana no entorno da lagoa ou em seus afluentes (P6)

Tabela 4. Teor de amônia, nitrato e fosfato nos pontos de coleta

Ponto	P1	P2	P3	P4	P5	P6
Amônia	<0,02	0,07	<0,02	<0,02	<0,02	<0,02
Nitrito	<0,01	0,02	<0,02	<0,02	0,65	0,04
Nitrato	<0,12	1,3	2,0	0,76	<0,12	0,52

Teores de fosfato

Para águas salobras os níveis de fósforo total não devem ultrapassar 0,186 mg/L. Nas amostras analisadas, apenas o fósforo proveniente do íon fosfato foi capaz de fazer com que 50% das amostras (P2, P3 e P6) estivessem acima do limite permitido. A proximidade com o oceano (P2 e P3) pode fazer com que os níveis de fosfato aumentem, bem como o uso de fertilizantes no plantio de cana no entorno da lagoa ou em seus afluentes (P6) (Tabela 5).

Tabela 5. Teor de fosfato nos pontos de coleta

Ponto	P1	P2	P3	P4	P5	P6
Fosfato	<0,02	0,3	0,72	<0,03	0,04	0,25

Oxigênio dissolvido

Para águas salobras classe I, os níveis de oxigênio dissolvido não devem ser inferiores a 5 mg/L, pois pode prejudicar a vida marinha. Todos os 6 pontos de coleta analisados estiveram com valores de OD abaixo dos limites estabelecidos pelo CONAMA (Tabela 6).

Tabela 6. Teor de oxigênio dissolvido nos pontos de coleta

Ponto	P1	P2	P3	P4	P5	P6
OD	4,31	4,2	4,1	3,94	2,67	4,14

Análise dos parasitos coletados

Os parasitos encontrados nos peixes analisados, estão apresentados nas Tabelas 7 a 14 e Figuras 3-10. Algumas espécies de parasitos encontradas estão sendo registradas pela primeira vez nos hospedeiros e no estado de Alagoas, sendo assim novos registros de hospedeiros e localidades, ampliando a distribuição geográfica destes parasitos. Adicionalmente, estão sendo encontrados parasitos com potencial zoonótico, como os pertencentes aos gêneros *Contracaecum* e *Hysterothylacium*. Também estão sendo encontrados mixozoários pertencentes aos gêneros *Henneguya*, *Myxobolus* e *Kudoa*, possivelmente se tratando de novas espécies para a ciência.

Tabela 7. Parasitos encontrados em *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) coletados no rio Mundaú, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação/infecção
Crustacea	
<i>Dolops</i> sp.	Brânquias
Digenea	
<i>Austrodiplostomum compactum</i>	Intestino
<i>Posthodiplostomum</i> sp.	Intestino
<i>Pseudosellacotyla</i> sp.	Intestino
Monogenea	
<i>Urocleidoides</i> sp.	Brânquias
Nematoda	
<i>Procamallanus (Spirocamallanus) inopinatus</i>	Intestino

Tabela 8. Parasitos encontrados em *Rhamdia* sp. coletados no rio Paraíba do Meio, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação
Monogenea	
<i>Aphanoblastella</i> sp.	Brânquias

Tabela 9. Parasitos encontrados em *Trichiurus lepturus* Linnaeus, 1758 coletados na Lagoa Mundaú, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação/infecção
Crustacea	
<i>Metacaligus uruguayensis</i>	Brânquias
Isópode não identificado	Brânquias
Digenea	
<i>Lecithochirium microstomum</i>	Estômago e Intestino
Myxozoa	
<i>Kudoa</i> sp.	Coração
Monogenea	
<i>Pseudempleurosoma</i> sp.	Estômago
Nematoda	
<i>Contracaecum</i> sp.	Estômago e Intestino

Tabela 10. Parasitos encontrados em *Caranx latus* Agassiz, 1831 coletados na Lagoa Mundaú, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação/infecção
Crustacea	
<i>Caligus</i> sp.	Brânquias
<i>Lernanthropus giganteus</i>	Brânquias
<i>Lernanthropus</i> sp.	Brânquias
Digenea	
<i>Bucephalus varicus</i>	Estômago e Intestino
<i>Lecithochirium microstomum</i>	Estômago e Intestino
Monogenea	
<i>Cemocotyle</i> sp.	Brânquias
<i>Protomicrocotyle mirabilis</i>	Brânquias
Nematoda	
<i>Philometra</i> sp.	Estômago e Intestino
<i>Contracaecum</i> sp.	Estômago e Intestino

Tabela 11. Parasitos encontrados em *Mugil curema* Valenciennes, 1836 coletados nas Lagoas Mundaú e Manguaba, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação/infecção	Lagoa Mundaú	Lagoa Manguaba
Acanthocephala			
<i>Floridosentis mugilis</i>	Cavidade e Intestino	X	X
Crustacea			
<i>Caligus</i> sp.	Brânquias		X
<i>Ergasilus versicolor</i>	Narina e Brânquias	X	X
<i>Ergasilus</i> sp.	Brânquias		X
Digenea			
	Cavidade, Intestino e Estômago		
<i>Lasiotocus</i> sp.	Intestino	X	X
<i>Schikhobalotrema</i> sp.	Intestino	X	X
Hirudinea			
Piscicolidae gen. sp.	Superfície e Brânquias	X	X
Monogenea			
<i>Ligophorus</i> sp.	Brânquias	X	X
<i>Metamicrocotyla macracantha</i>	Brânquias	X	X
Myxozoa			
<i>Myxobolus</i> sp.	Brânquias	X	---

Tabela 12. Parasitos encontrados em *Scomberomorus cavalla* Cuvier, 1829 coletados na Lagoa Mundaú, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infecção
Digenea	
<i>Proisorhynchus</i> sp.	Intestino
Nematoda	
<i>Contraecaecum</i> sp.	Estômago e Intestino
<i>Hysterothylacium</i> sp.	Estômago e Intestino

Tabela 13. Parasitos encontrados em *Eugerres brasiliensis* Cuvier, 1830 coletados nas Lagoas Mundaú e Manguaba, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação	Lagoa Mundaú	Lagoa Manguaba
Monogenea			
<i>Aristocleidus hastatus</i>	Brânquias	X	X

Tabela 14. Parasitos encontrados em *Centropomus undecimalis* (Bloch, 1792) coletados nas Lagoas Mundaú e Manguaba, Alagoas, Brasil.

Parasitos	Local de infestação/infecção	Lagoa Mundaú	Lagoa Manguaba
Crustacea			
<i>Lernanthropus</i> sp.	Brânquias	X	X
Digenea			
<i>Acanthocollaritrema umbilicatum</i>	Estômago e Intestino	X	X
<i>Pseudocryptogonimus</i> sp.	Intestino	X	X
Hirudinea			
Hirudinea não identificado	Brânquias	X	--
Nematoda			
Nematoide não identificado	Estômago e Intestino	X	X
Myxozoa			
<i>Myxobolus</i> sp.	Rim cefálico e Vesícula biliar	X	--

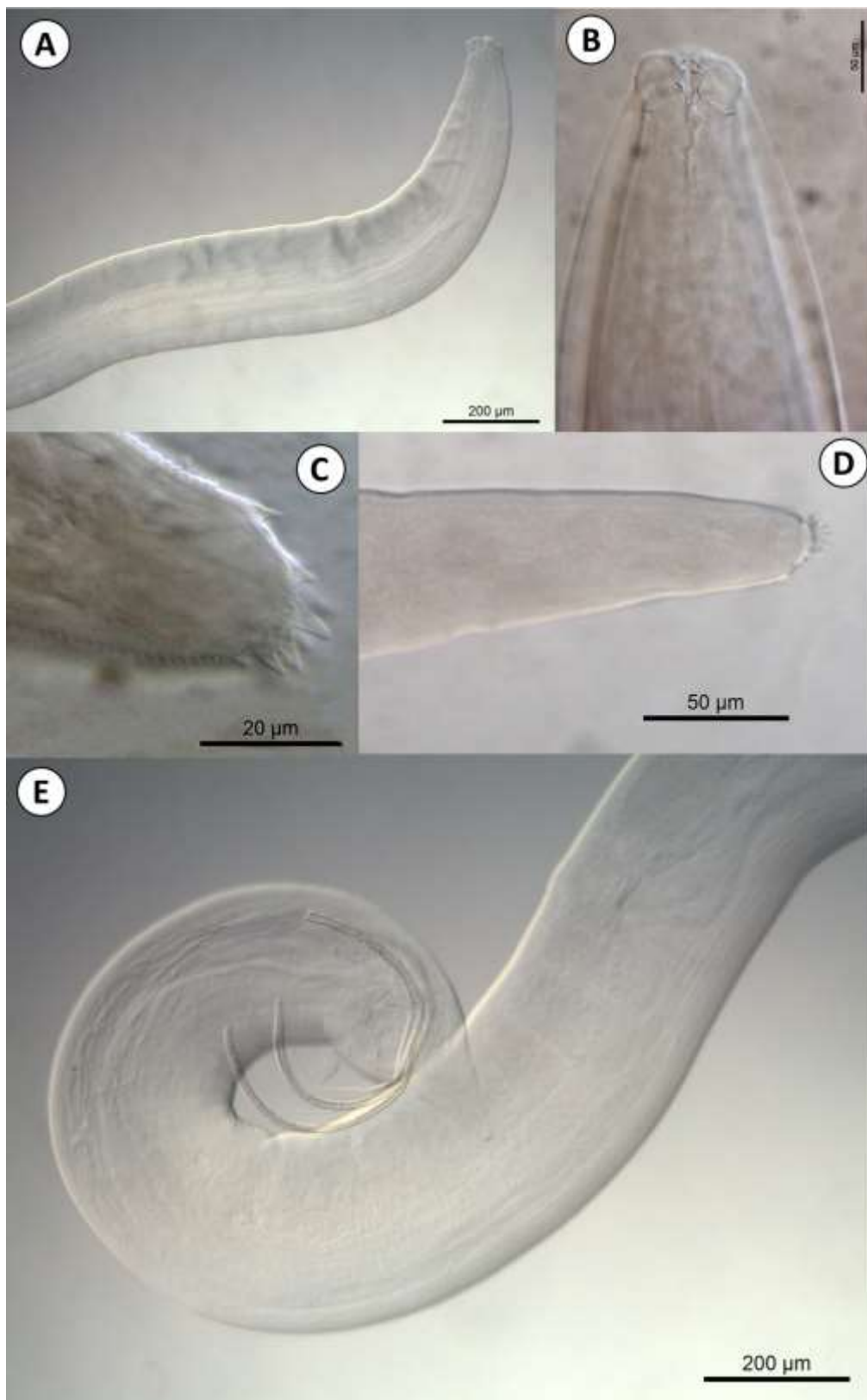


Figura 3. *Hysterothylacium* sp. coletado em intestino de *Scomberomorus cavalla* (Cuvier, 1829) da lagoa Mandaú. A) Extremidade anterior; B) Detalhe dos lábios e interlábios; C-D) Cauda da fêmea; e E) Cauda do macho, com destaque para os espículos parcialmente exteriorizados.

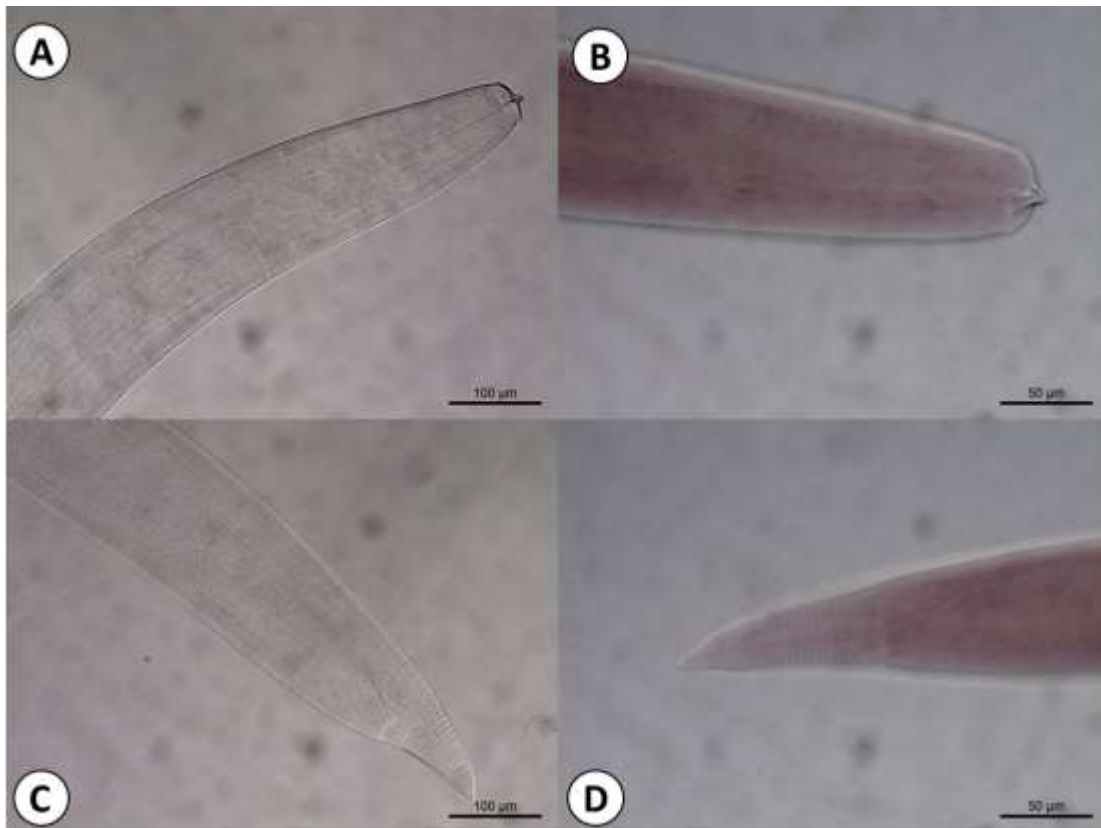


Figura 4. Larva de *Contracaecum* encontrada em intestino de *Scomberomorus cavalla* (Cuvier, 1829). A-B) Extremidade anterior, com destaque para o dente de penetração; e C-D) Cauda.

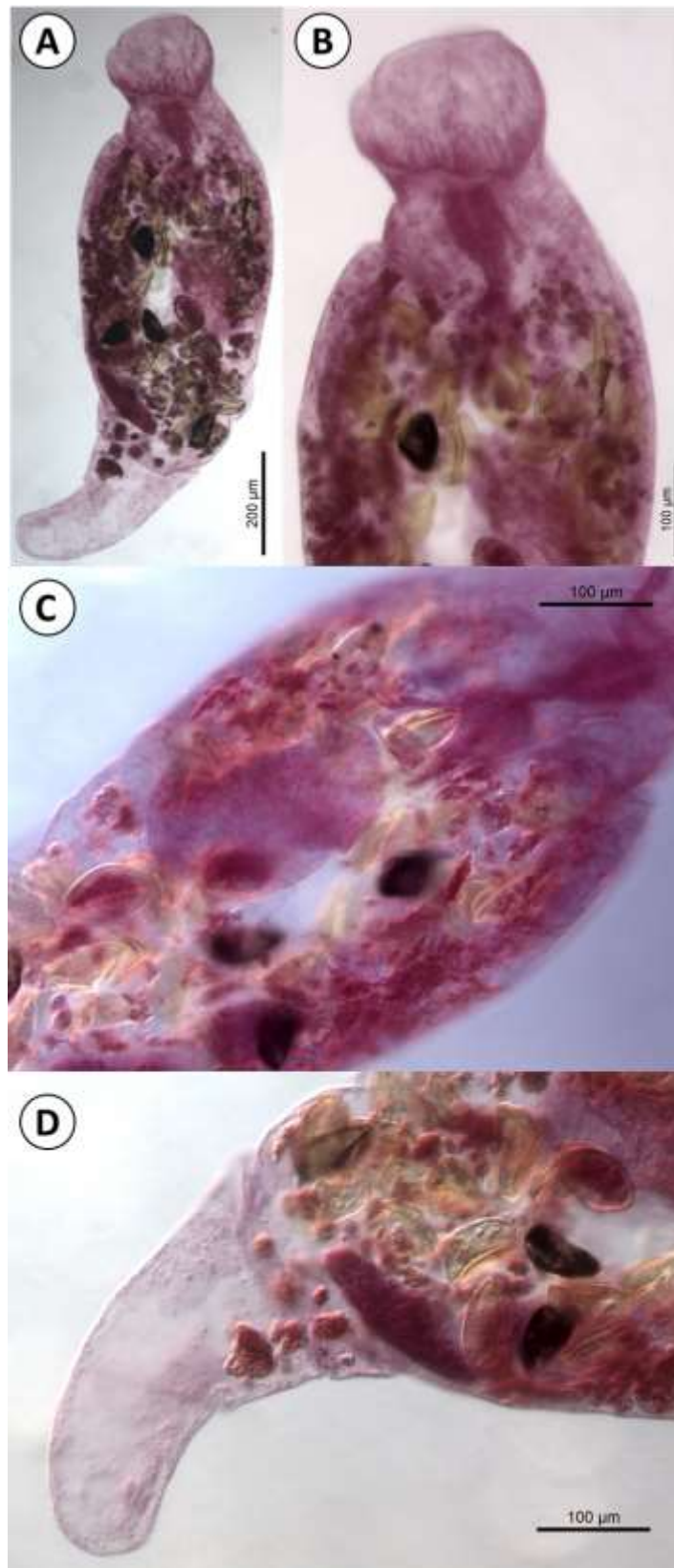


Figura 5. *Schikhobalotrema* sp. encontrado em intestino de *Mugil curema* Valenciennes, 1836 da lagoa Manguaba. **A.** Extremidade anterior de *Hysterothylacium* sp. mostrando os lábios; **B.** Extremidade anterior de *Contracaecum* sp., mostrando o dente larval.

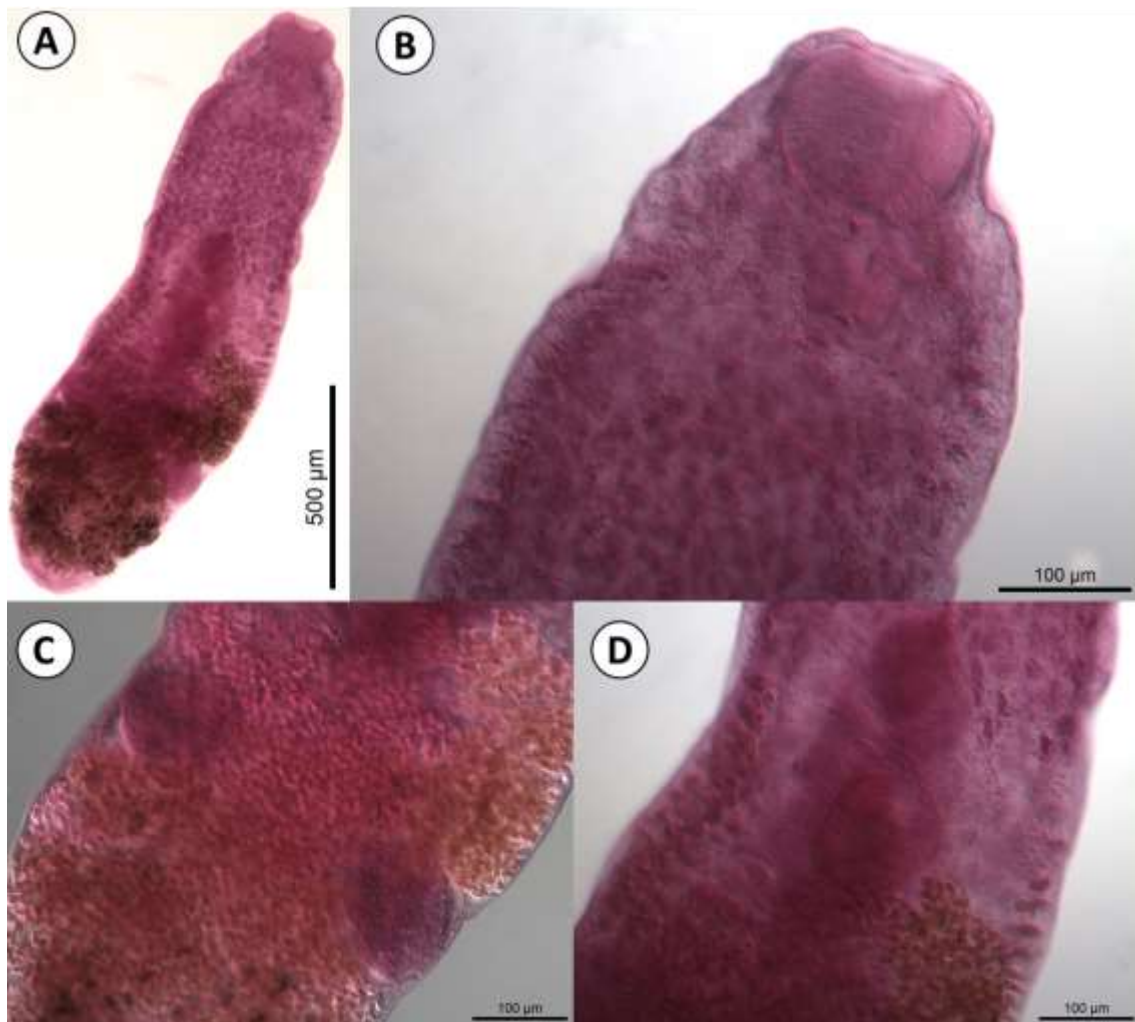


Figura 6. *Pseudocryptogonimus* sp. coletado no intestino de *Centropomus undecimalis* (Bloch, 1792). A) Visão geral do corpo; B) Detalhe da ventosa oral e faringe; C) Região posterior, com destaque para os testículos; e D) Região mediana, com destaque para o acetábulo, ovário e vitelária.

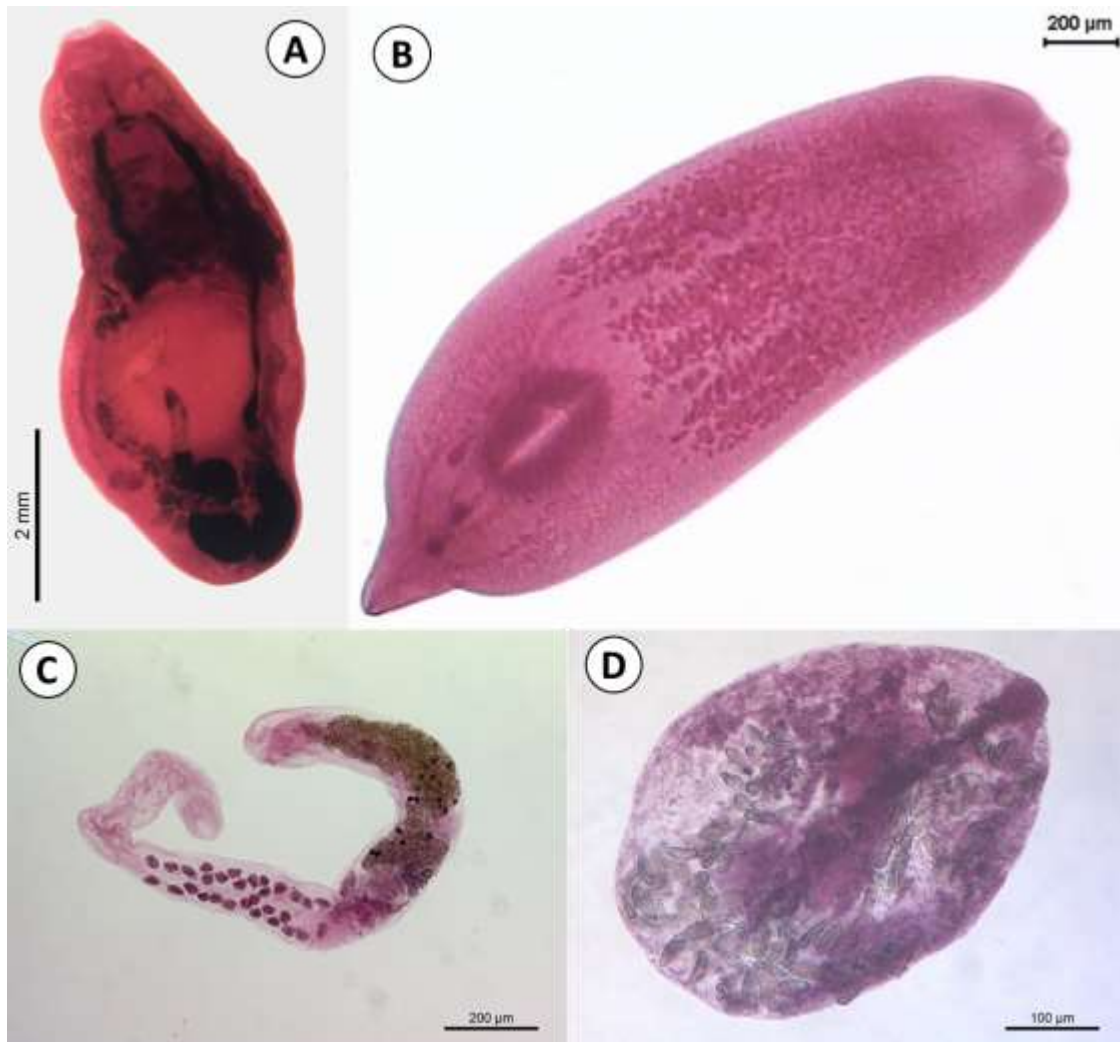


Figura 7. Outros digenéticos encontrados em peixes das lagoas Mandau e Manguaba. A) *Prosogonotrema* cf. *bilabiatum* Viguera, 1940 parasita de *Ocyurus chrysurus* (Bloch, 1791); B) Metacercária de *Austrodiplostomum compactum* (Lutz, 1928); C) *Prosorhynchus* sp. Odhner, 1905; e D) *Pseudosellacotyla* cf. *lutzi* (Freitas, 1941) Yamaguti, 1954.

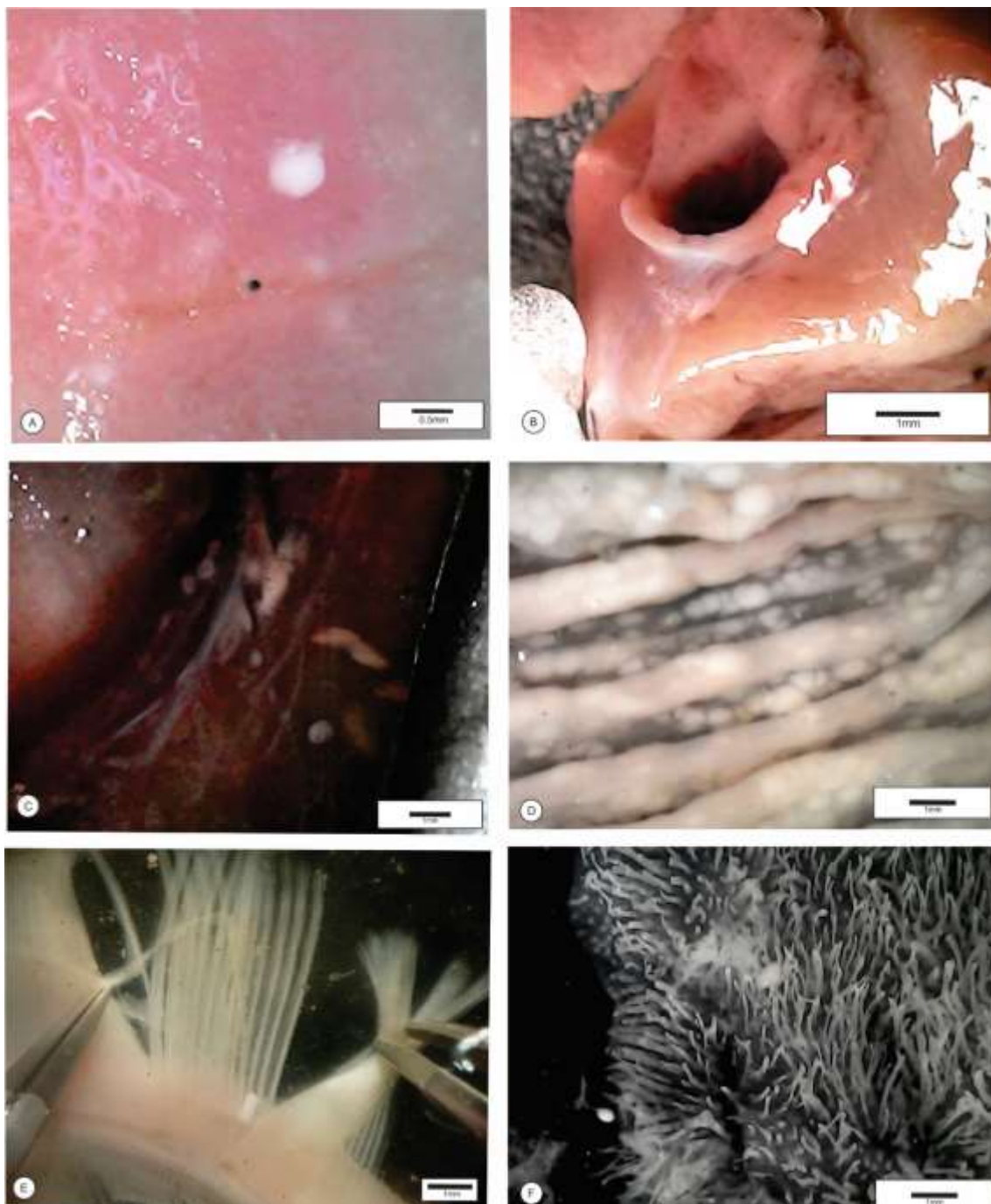


Figura 8. Cistos de *Myxobolus* sp. encontrados *Mugil curema* Valenciennes, 1836 proveniente da Lagoa Mundaú. A) Coração; B-D) Estômago; E) Brânquias; e F) Intestino.

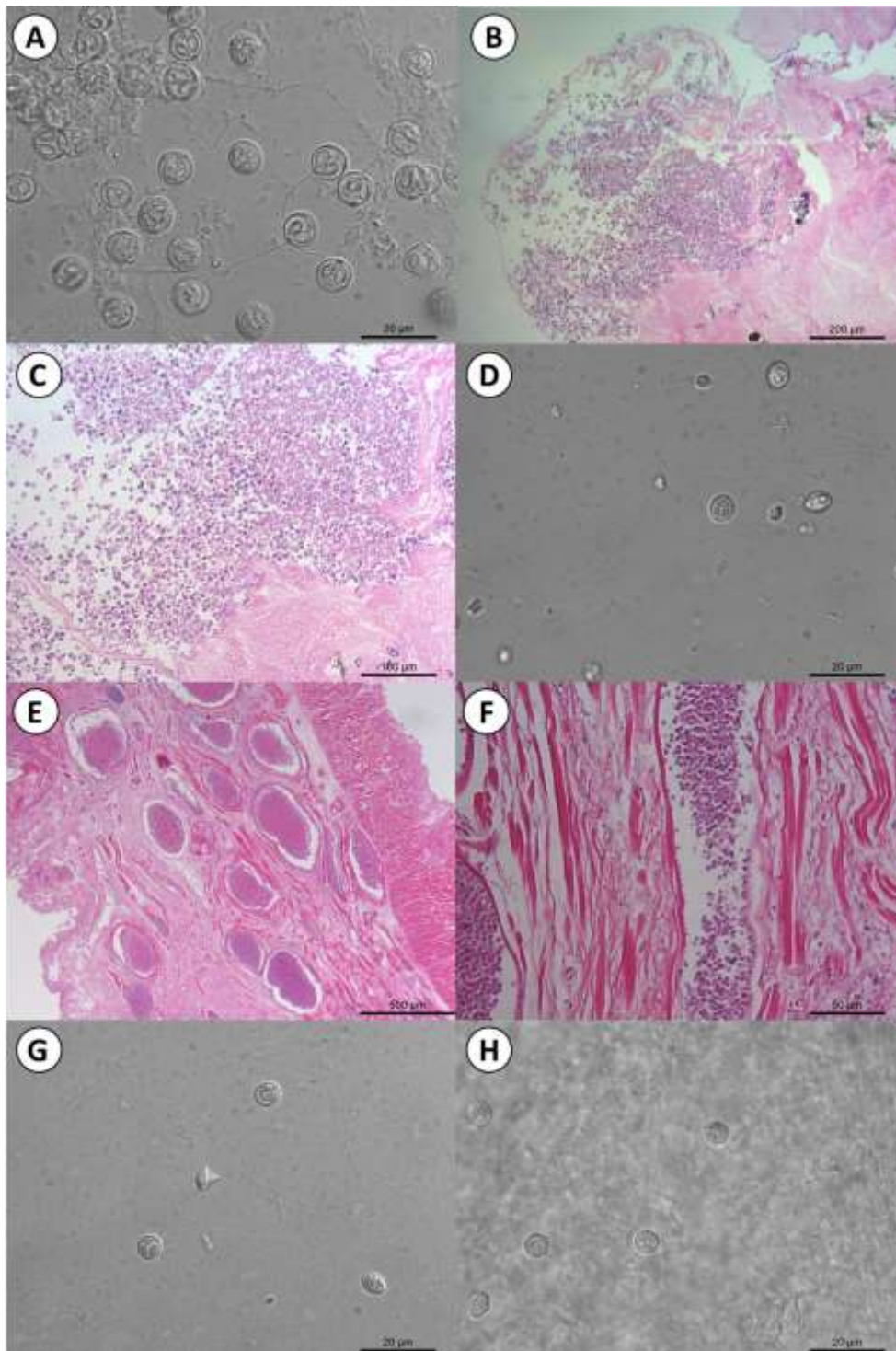


Figura 9. Mixozoários encontrados em *Mugil curema* Valenciennes 1836 da Lagoa Madau e Manguaba. A) Esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no intestino; B) Corte histológico demonstrando os esporos no intestino; C) detalhe dos esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no intestino; D) Esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no estômago; E-F) Corte histológico demonstrando os esporos no estômago; G) Esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no coração; e H) Esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no palato.

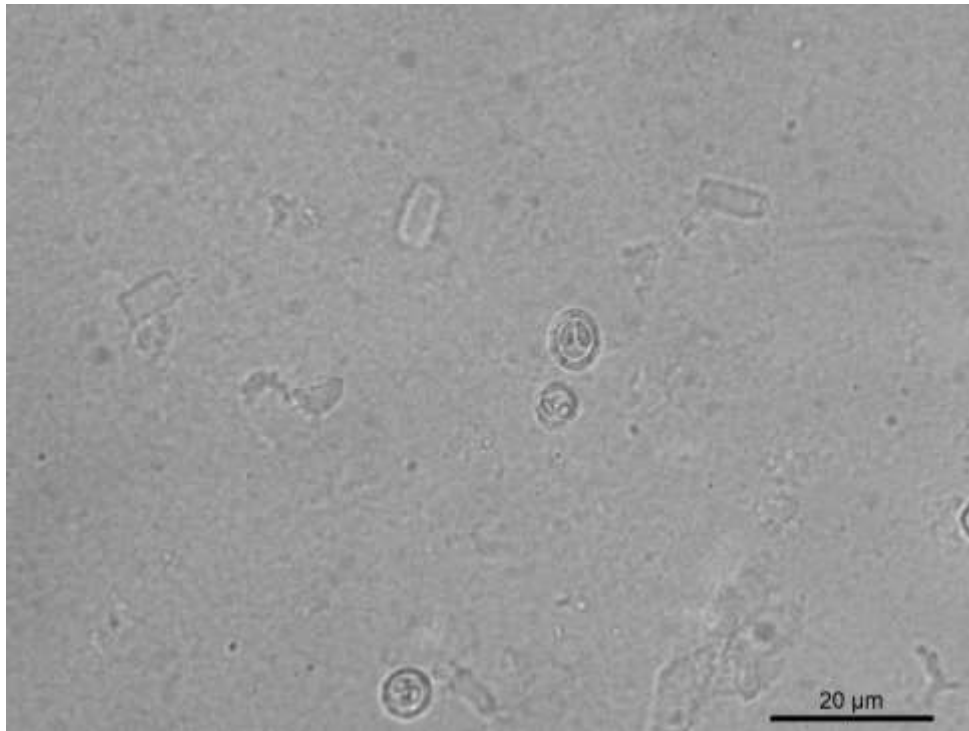


Figura 10. Esporos de *Myxobolus* sp. encontrados no rim cefálico e vesícula biliar de *Centropomus undecimalis* (Bloch, 1792).

Análises moleculares

A análise molecular foi realizada até o momento, para os gêneros *Schikhobalotrema*, Digenea gen. sp. (possivelmente do gênero *Lasiotocus*) e *Pseudocryptogonimus* (Trematoda) e para o gênero *Hysterothylacium* (Nematoda).

Schikhobalotrema

Na análise molecular com os genes 18S e 28S concatenados, realizada com um exemplar do gênero *Schikhobalotrema* sp., verificamos que o espécime aqui analisado se posicionou no mesmo clado de outras espécies do gênero *Schikhobalotrema*, mas em um diferente ramo (Figura 11), sugerindo assim tratar-se de uma espécie diferente das que já estão disponíveis no Genbank. Na identidade gênica (Tabela 15) foi possível observar que *Schikhobalotrema* sp. variando entre 84,2% – 85,6% com as outras espécies de *Schikhobalotrema* disponíveis no Genbank. Mais análises morfológicas são necessárias para determinar se *Schikhobalotrema* sp. aqui estudada trata-se de uma nova caracterização molecular para uma espécie de *Schikhobalotrema* já descrita ou se trata de uma nova espécie ainda desconhecida para a ciência.

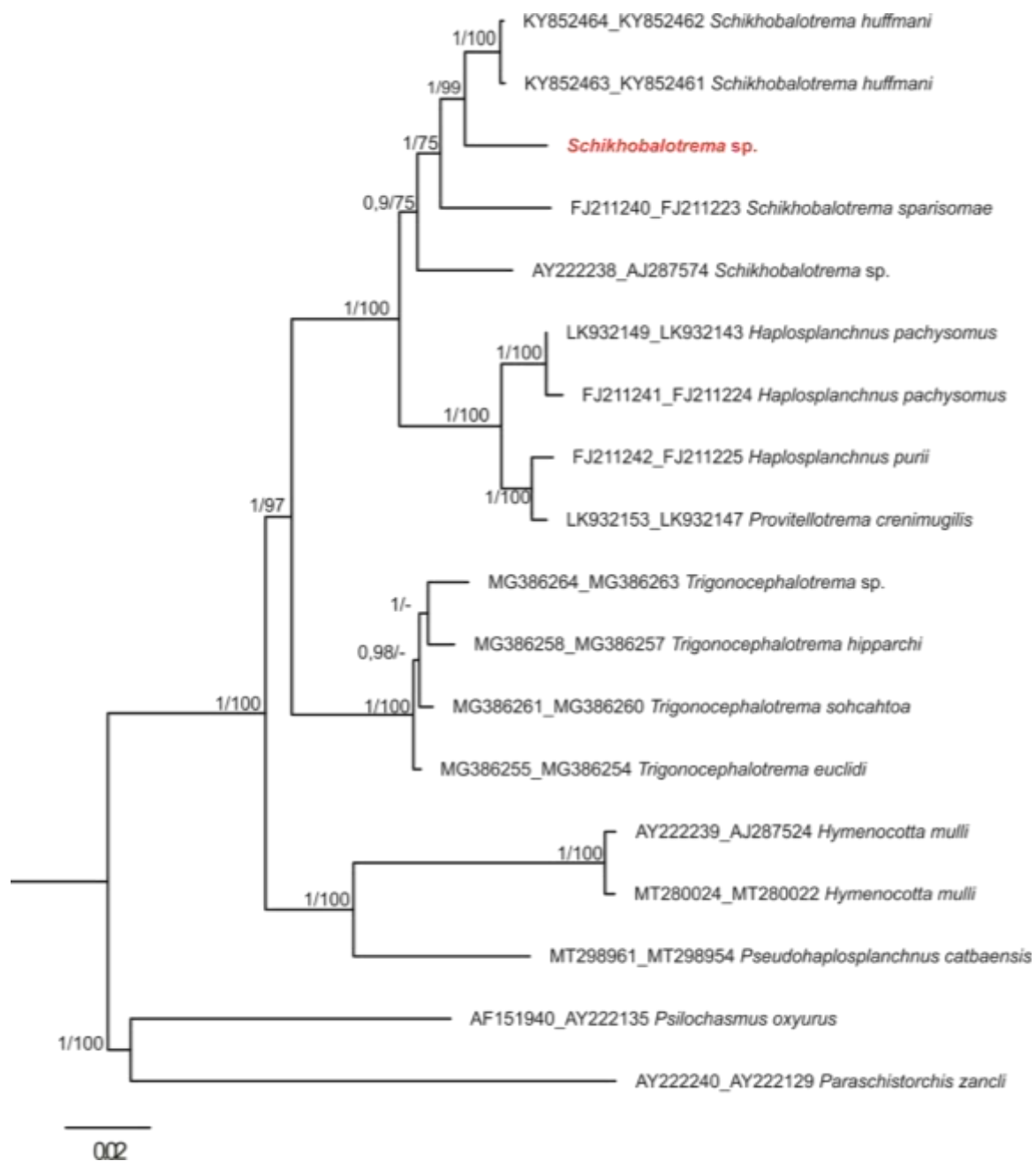


Figura 11. Relações de Haplospalchnata com base em inferência Bayesiana (BI) e máxima verossimilhança (ML) do conjunto de dados de rDNA 18S e 28S concatenados. As seqüências para as espécies de foco no presente estudo são apresentadas em negrito. Os valores de suporte de probabilidades posteriores (BI) e bootstrap (ML) são mostrados, respectivamente. O suporte nodal abaixo de 75/0,75 não são mostrados. Sequencias de espécies da ordem Plagiorchiida: *Paraschistorchis zancli* (Hanson, 1953) Blend, Karar & Dronen, 2017 e *Psilochasmus oxyurus* (Creplin, 1825) Lühe, 1909, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

Tabela 15. A matriz sombreada (superior) mostra distância-p (*pair-wise distance*) entre as sequências e a matriz não sombreada (inferior) mostra a porcentagem de similaridade (%) das sequências de nucleotídeos (3091).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
1. AY222240_AY222129		0,12	0,13	0,13	0,13	0,13	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,13	0,13	0,12	0,12	0,13	0,14	0,14
2. AF151940_AY222135	86,2		0,11	0,11	0,10	0,10	0,12	0,11	0,12	0,12	0,12	0,11	0,12	0,11	0,11	0,12	0,12	0,13
3. MG386258_MG386257	86,2	88,2		0,01	0,01	0,01	0,07	0,07	0,07	0,08	0,08	0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,08	0,09
4. MG386264_MG386263	86,7	88,3	97,8		0,01	0,01	0,07	0,07	0,07	0,08	0,08	0,07	0,07	0,07	0,07	0,08	0,09	0,09
5. MG386255_MG386254	86,7	88,9	98,2	98,6		0,01	0,06	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,09	0,09
6. MG386261_MG386260	86,6	88,6	98,2	98,7	99,2		0,07	0,07	0,07	0,07	0,08	0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,08	0,08
7. FJ211240_FJ211223	86,2	88,0	92,7	93,4	93,6	93,5		0,05	0,06	0,06	0,06	0,05	0,04	0,03	0,03	0,09	0,10	0,10
8. FJ211241_FJ211224	85,6	87,6	91,8	92,5	92,5	92,4	94,1		0,00	0,02	0,02	0,05	0,06	0,05	0,05	0,10	0,10	0,10
9. LK932149_LK932143	81,1	83,5	87,7	87,7	87,8	87,6	89,3	94,4		0,02	0,02	0,05	0,06	0,05	0,05	0,09	0,10	0,10
10. FJ211242_FJ211225	82,2	84,4	88,6	88,6	88,9	88,7	90,3	93,5	92,8		0,01	0,05	0,05	0,05	0,05	0,09	0,10	0,10
11. LK932153_LK932147	81,3	83,5	87,4	87,4	87,8	87,5	89,2	92,5	93,0	94,1		0,05	0,05	0,05	0,05	0,09	0,10	0,10
12. AY222238_AJ287574	83,8	85,0	89,7	89,7	89,9	89,8	91,8	90,6	89,6	90,8	89,6		0,04	0,03	0,03	0,08	0,10	0,10
13. <i>Schikhobalotrema</i> sp.	77,0	77,5	82,5	82,3	82,6	82,4	84,3	82,7	82,4	83,0	82,4	84,3		0,03	0,03	0,09	0,10	0,10
14. KY852464_KY852462	87,2	88,1	93,2	93,5	94,0	93,8	96,5	94,5	89,7	90,9	89,9	92,9	85,6		0,00	0,08	0,09	0,09
15. KY852463_KY852461	87,2	88,1	93,2	93,7	94,1	94,0	96,6	94,5	89,6	90,9	89,8	92,9	85,6	99,7		0,08	0,09	0,09
16. MT298961_MT298954	81,2	83,0	87,3	87,1	87,4	87,4	86,0	85,0	85,3	85,2	85,3	86,4	79,2	86,8	86,8		0,08	0,08
17. AY222239_AJ287524	85,4	87,3	90,2	90,6	90,6	90,9	89,4	88,9	84,7	85,4	84,7	86,2	79,1	90,2	90,2	86,4		0,00
18. MT280024_MT280022	81,0	83,1	86,4	86,2	86,3	86,6	84,9	84,4	84,7	84,5	84,7	85,4	78,7	85,8	85,8	86,4	94,2	

Digenea gen. sp.

Na análise molecular com o gene 28S, realizada com um exemplar de *Digenea*, verificamos que o espécime aqui analisado se posicionou dentro da família MonorchIIDae, possivelmente do gênero *Lasiotocus* (Figura 12), mas apresentou variação gênica de 46,4% – 71,7% (Tabela 16) em relação as outras espécies desta família, sugerindo assim tratar-se de uma espécie diferente das que já estão disponíveis no Genbank. Mais análises morfológicas são necessárias para determinar a qual gênero e espécie pertence esse digenético.

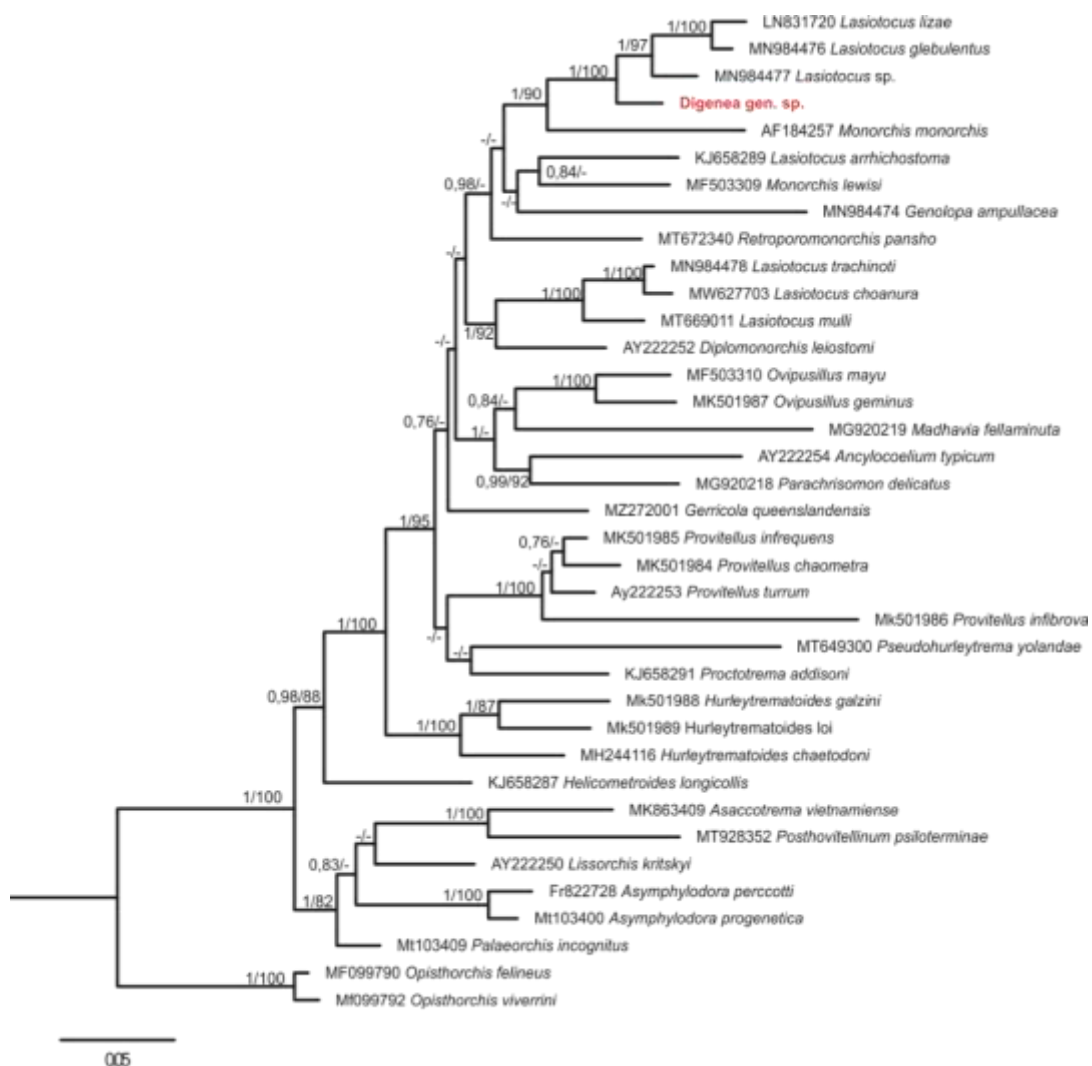


Figura 12. Relações de MonorchIIDae com base em inferência Bayesiana (BI) e máxima verossimilhança (ML) do conjunto de dados 28S rDNA. As sequências para as espécies de foco no presente estudo são apresentadas em negrito. Os valores de suporte de probabilidades posteriores (BI) e bootstrap (ML) são mostrados, respectivamente. O suporte nodal abaixo de 75/0,75 não são mostrados. Sequencias de *Opisthorchis felineus* (Rivolta, 1884) Blanchard, 1895 e *Opisthorchis viverrini*, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

Tabela 16. A matriz sombreada (superior) mostra distância-p (*pair-wise distance*) entre as sequências e a matriz não sombreada (inferior) mostra a porcentagem de similaridade (%) das sequências de nucleotídeos (1331). 1. MF099790; 2. MF099792; 3. MG920219; 4. MN984474; 5. MT649300; 6. AY222254; 7. MK863409; 8. MT928352; 9. KJ658287; 10. FR822728; 11. MT103400; 12. AY222250; 13. MT103409; 14. AF184257; 15. MG920218; 16. MH244116; 17. MK501988; 18. MK501989; 19. *Digenea gen sp.*; 20. MN984477; 21. LN831720; 22. MN984476; 23. MF503310; 24. MK501987; 25. KJ658291; 26. MK501986; 27. AY222253; 28. MK501985; 29. MK501984; 30. MZ272001; 31. AY222252; 32. MT669011; 33. MN984478; 34. MW627703; 35. MT672340; 36. KJ658289; 37. MF503309

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	
1		0,02	0,22	0,21	0,20	0,21	0,20	0,19	0,15	0,17	0,16	0,14	0,14	0,22	0,17	0,18	0,19	0,19	0,23	0,19	0,19	0,19	0,17	0,17	0,17	0,27	0,17	0,18	0,17	0,18	0,17	0,18	0,18	0,21	0,19	0,17	0,18	
2	92,7		0,23	0,23	0,22	0,22	0,20	0,20	0,16	0,18	0,18	0,16	0,15	0,22	0,19	0,20	0,21	0,20	0,25	0,21	0,21	0,20	0,18	0,19	0,19	0,27	0,18	0,18	0,18	0,20	0,17	0,19	0,20	0,22	0,21	0,18	0,19	
3	80,7	75,2		0,18	0,18	0,16	0,23	0,22	0,17	0,19	0,19	0,17	0,16	0,19	0,15	0,17	0,19	0,20	0,18	0,15	0,17	0,16	0,14	0,15	0,16	0,22	0,15	0,16	0,15	0,14	0,15	0,16	0,16	0,18	0,16	0,15	0,15	
4	81,0	75,1	82,9		0,19	0,18	0,24	0,23	0,17	0,20	0,20	0,17	0,16	0,16	0,14	0,15	0,18	0,18	0,16	0,14	0,14	0,14	0,16	0,16	0,15	0,22	0,14	0,15	0,15	0,14	0,14	0,14	0,14	0,17	0,14	0,14	0,14	
5	79,6	74,0	81,8	81,0		0,17	0,22	0,20	0,15	0,18	0,19	0,16	0,15	0,18	0,14	0,16	0,19	0,19	0,19	0,15	0,16	0,15	0,16	0,15	0,13	0,23	0,15	0,15	0,14	0,15	0,14	0,15	0,15	0,19	0,14	0,14	0,15	
6	80,2	75,8	83,5	82,1	80,7		0,21	0,19	0,17	0,19	0,18	0,17	0,15	0,17	0,12	0,16	0,17	0,18	0,15	0,14	0,14	0,14	0,13	0,13	0,16	0,23	0,13	0,13	0,14	0,15	0,13	0,15	0,15	0,16	0,15	0,15	0,15	
7	74,8	74,3	73,0	71,7	70,9	73,8		0,12	0,15	0,14	0,13	0,12	0,11	0,23	0,21	0,19	0,20	0,20	0,22	0,22	0,21	0,21	0,18	0,19	0,18	0,28	0,19	0,19	0,19	0,19	0,18	0,19	0,19	0,19	0,18	0,20	0,21	
8	79,7	76,2	78,4	77,9	79,1	78,6	79,5		0,15	0,15	0,15	0,12	0,12	0,21	0,19	0,16	0,20	0,21	0,23	0,18	0,19	0,18	0,18	0,17	0,17	0,26	0,18	0,19	0,18	0,18	0,18	0,18	0,19	0,18	0,21	0,18	0,18	0,19
9	85,8	80,7	84,3	84,4	83,5	83,6	78,1	83,0		0,13	0,12	0,10	0,09	0,17	0,14	0,12	0,14	0,13	0,18	0,13	0,13	0,13	0,12	0,12	0,13	0,22	0,12	0,12	0,12	0,13	0,12	0,14	0,14	0,16	0,13	0,12	0,13	
10	76,8	75,4	75,4	74,3	74,1	75,4	74,8	77,7	79,7		0,03	0,10	0,08	0,20	0,18	0,15	0,18	0,17	0,22	0,18	0,18	0,18	0,15	0,16	0,15	0,24	0,15	0,15	0,15	0,17	0,14	0,17	0,16	0,18	0,16	0,16	0,18	
11	83,1	78,8	81,4	80,4	79,5	81,4	79,1	82,0	86,4	88,1		0,09	0,07	0,19	0,17	0,14	0,17	0,17	0,22	0,18	0,18	0,18	0,14	0,16	0,15	0,24	0,15	0,15	0,15	0,16	0,14	0,16	0,16	0,19	0,16	0,16	0,17	
12	85,2	80,6	83,3	83,0	82,0	83,4	80,5	84,4	89,1	82,3	89,1		0,06	0,17	0,15	0,12	0,15	0,14	0,18	0,15	0,15	0,15	0,13	0,14	0,13	0,23	0,13	0,13	0,13	0,14	0,12	0,14	0,14	0,17	0,14	0,15	0,16	
13	85,4	81,1	84,1	83,6	82,6	84,4	80,8	84,6	90,1	83,4	90,7	92,6		0,16	0,13	0,11	0,14	0,13	0,16	0,14	0,15	0,14	0,11	0,11	0,11	0,19	0,11	0,12	0,11	0,13	0,11	0,12	0,12	0,14	0,13	0,13	0,13	
14	78,5	75,6	80,3	82,4	78,9	81,2	72,6	76,6	82,1	75,1	80,4	81,8	82,9		0,14	0,16	0,17	0,18	0,14	0,11	0,11	0,12	0,16	0,17	0,14	0,21	0,13	0,13	0,13	0,12	0,13	0,14	0,15	0,18	0,12	0,13	0,12	
15	83,5	77,4	85,1	85,0	83,1	86,1	73,9	79,9	86,2	75,7	82,2	84,6	85,4	83,6		0,12	0,15	0,15	0,16	0,12	0,13	0,13	0,12	0,13	0,13	0,21	0,12	0,12	0,12	0,11	0,11	0,12	0,13	0,15	0,12	0,13	0,12	
16	83,7	77,7	84,6	85,8	83,3	84,0	75,6	82,3	88,6	78,2	84,8	87,3	88,4	83,2	87,4		0,10	0,09	0,16	0,13	0,13	0,13	0,12	0,13	0,11	0,20	0,11	0,12	0,12	0,11	0,11	0,13	0,13	0,16	0,13	0,11	0,12	
17	76,2	73,2	76,3	76,6	74,4	77,9	73,8	73,4	80,4	71,7	77,6	79,8	80,3	77,3	78,8	83,5		0,08	0,14	0,14	0,15	0,15	0,14	0,16	0,13	0,24	0,13	0,13	0,14	0,13	0,14	0,16	0,16	0,16	0,14	0,14	0,15	
18	76,0	73,3	75,8	76,4	74,1	76,7	74,0	72,6	80,7	72,0	77,7	80,0	80,3	76,3	78,3	84,3	84,9		0,18	0,15	0,16	0,16	0,15	0,15	0,14	0,24	0,14	0,14	0,15	0,13	0,14	0,16	0,16	0,17	0,14	0,14	0,16	
19	61,9	59,2	64,6	64,9	61,5	65,7	60,6	59,2	64,5	57,8	62,7	64,6	65,2	66,0	65,0	65,6	66,5	64,3		0,05	0,07	0,07	0,15	0,16	0,15	0,28	0,13	0,13	0,14	0,13	0,13	0,14	0,16	0,17	0,13	0,13	0,13	
20	82,9	77,0	86,0	86,2	84,0	85,7	73,6	81,0	87,7	76,0	82,1	84,9	85,6	86,7	87,9	88,2	80,4	79,1	71,7		0,05	0,04	0,13	0,12	0,12	0,20	0,11	0,11	0,11	0,10	0,11	0,12	0,13	0,16	0,11	0,10	0,11	
21	82,5	76,8	84,6	86,1	83,2	84,9	73,8	80,5	87,1	76,3	82,2	84,7	84,9	86,3	86,6	87,4	79,4	78,3	70,5	94,4		0,02	0,13	0,13	0,12	0,19	0,12	0,11	0,11	0,11	0,12	0,13	0,14	0,16	0,12	0,12	0,11	
22	82,9	77,0	84,8	86,2	83,4	85,1	73,9	80,9	87,2	76,5	82,4	84,7	85,4	86,1	87,2	88,1	79,7	78,2	70,5	95,2	97,7		0,12	0,12	0,12	0,19	0,11	0,11	0,11	0,11	0,12	0,13	0,13	0,15	0,11	0,11	0,11	

23	82,6	79,0	85,1	83,0	81,1	85,4	75,6	79,8	86,5	78,3	84,7	85,6	87,3	83,1	86,2	86,5	79,6	79,3	66,3	86,2	86,1	86,4	0,06	0,12	0,19	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,13	0,13	0,14	0,13	0,12	0,11
24	70,2	66,7	71,8	70,4	69,6	71,3	63,6	69,4	73,3	68,9	69,6	71,6	73,2	68,8	72,1	73,2	64,6	65,1	51,3	73,4	73,1	73,2	75,6	0,12	0,18	0,12	0,12	0,11	0,13	0,11	0,13	0,13	0,15	0,12	0,11	0,11
25	83,8	78,1	85,2	85,6	84,7	84,3	76,1	81,4	87,6	78,4	84,6	87,1	88,3	84,2	86,6	88,9	80,9	79,8	66,3	88,1	87,7	87,9	87,0	73,3	0,18	0,10	0,10	0,09	0,10	0,11	0,12	0,12	0,14	0,12	0,12	0,12
26	62,3	61,3	64,8	64,9	63,9	63,9	58,1	63,4	65,1	63,7	64,2	64,8	66,3	64,9	64,7	65,9	59,6	59,2	46,4	65,9	66,2	66,3	66,5	67,1	67,1	0,12	0,12	0,13	0,19	0,18	0,20	0,19	0,23	0,19	0,18	0,18
27	82,4	78,5	84,0	85,6	83,5	85,2	74,7	80,8	86,4	78,0	84,0	86,2	87,3	84,6	85,8	87,1	80,3	78,9	66,2	87,2	86,6	87,0	87,1	71,9	88,7	71,1	0,03	0,04	0,11	0,10	0,11	0,11	0,12	0,11	0,10	0,11
28	79,2	77,1	81,3	82,1	80,7	82,8	74,7	78,0	84,0	76,4	81,7	83,2	84,4	82,3	83,3	84,6	80,4	79,6	66,6	84,9	84,5	84,8	85,2	69,4	86,0	69,0	92,7	0,03	0,11	0,10	0,12	0,12	0,13	0,11	0,10	0,11
29	83,3	78,2	85,4	85,8	85,0	84,8	74,6	82,1	87,9	78,1	84,0	85,8	87,1	84,3	87,0	88,2	79,7	78,9	66,1	88,9	88,3	88,7	86,6	73,4	90,1	70,4	94,7	92,7	0,10	0,10	0,12	0,11	0,14	0,12	0,11	0,11
30	83,5	77,7	86,7	86,3	84,0	84,8	75,3	81,0	88,0	77,3	83,7	86,1	87,1	85,7	88,3	89,1	80,7	80,4	67,2	89,9	89,1	89,2	87,4	73,2	90,2	66,5	87,5	85,0	89,2	0,09	0,11	0,11	0,13	0,10	0,11	0,11
31	81,6	78,5	83,4	84,4	82,9	84,0	75,1	79,9	85,3	78,1	84,3	85,5	86,1	83,9	85,8	86,5	79,5	78,8	66,2	86,4	85,8	85,8	86,6	71,3	87,0	67,5	88,4	86,6	88,0	87,9	0,09	0,10	0,11	0,10	0,11	0,11
32	83,2	78,1	84,8	86,1	83,5	84,9	76,0	80,0	86,8	77,2	83,6	86,0	87,5	84,2	87,6	87,8	79,0	78,7	66,5	88,5	87,1	87,7	86,1	72,8	88,7	65,9	87,3	84,3	87,7	89,4	88,1	0,05	0,06	0,11	0,12	0,11
33	83,4	77,8	85,2	86,0	83,8	84,9	75,5	81,0	86,9	77,9	83,9	85,8	87,6	83,5	87,2	87,5	78,6	78,4	65,9	87,7	86,8	87,5	86,3	73,0	88,4	66,4	87,4	84,4	88,5	89,4	87,5	94,9	0,02	0,11	0,13	0,12
34	68,3	68,3	69,9	70,4	67,2	71,4	69,4	67,3	71,3	67,0	69,5	71,1	72,5	70,0	70,9	71,4	71,2	70,9	62,7	71,5	71,2	71,7	72,5	60,5	72,8	55,8	72,9	72,9	72,2	73,5	73,9	78,0	81,5	0,14	0,14	0,14
35	82,7	77,1	85,6	86,4	84,5	85,1	76,2	81,3	88,2	77,8	83,8	86,2	87,0	86,1	87,7	88,3	80,1	79,9	67,1	90,0	89,0	89,1	86,6	74,2	88,2	66,6	87,7	85,0	88,4	90,5	87,4	89,4	89,3	73,0	0,10	0,10
36	84,0	78,7	86,1	86,7	84,0	84,8	74,6	81,0	88,4	77,7	83,3	85,2	86,7	85,0	87,1	89,8	80,4	80,3	66,9	90,0	88,7	89,5	87,0	74,1	88,6	66,8	88,1	85,5	89,1	89,1	86,2	88,8	88,1	72,7	90,8	0,09
37	83,6	78,1	86,3	86,2	83,8	85,0	74,6	80,2	87,5	76,8	83,0	84,8	86,5	85,9	87,9	88,5	80,0	78,8	67,3	90,0	89,3	89,7	87,4	74,2	88,8	67,4	87,9	85,3	89,2	89,9	86,7	89,2	89,0	72,9	90,2	91,0

Pseudocryptogonimus

De acordo com as análises morfológicas o espécime foi identificado como *Pseudocryptogonimus* sp., esta é a primeira caracterização molecular para espécies deste gênero (Figura 13). Na identidade gênica (Tabela 17) foi possível observar que *Pseudocryptogonimus* sp. variando entre 59,1% – 89,4% com as outras espécies de Cryptogonimidae disponíveis no Genbank. Mais análises morfológicas são necessárias para determinar se *Pseudocryptogonimus* sp. aqui estudada trata-se de uma nova caracterização molecular para uma espécie de *Pseudocryptogonimus* já descrita ou se trata de uma nova espécie ainda desconhecida para a ciência.

Hysterothylacium

De acordo com as análises morfológicas o espécime foi identificado como *Hysterothylacium* sp. (Figura 4). Dentre as espécies registradas no Genbank para a superfamília Ascaridoidea, *Hysterothylacium* sp. registrado no presente trabalho esteve mais relacionada com as espécies de família Raphidascarididae (*Hysterothylacium sinense* e *Hysterothylacium liparis*) (Figura 4). Na identidade gênica (Tabela 6) foi possível observar que *Hysterothylacium* sp. variando entre 77,7% – 85,2% com as outras espécies de Ascaridoidea. Mais análises morfológicas são necessárias para determinar se *Hysterothylacium* sp. aqui estudada trata-se de uma nova caracterização molecular para uma espécie de *Hysterothylacium* já descrita ou se trata de uma nova espécie ainda desconhecida para a ciência.

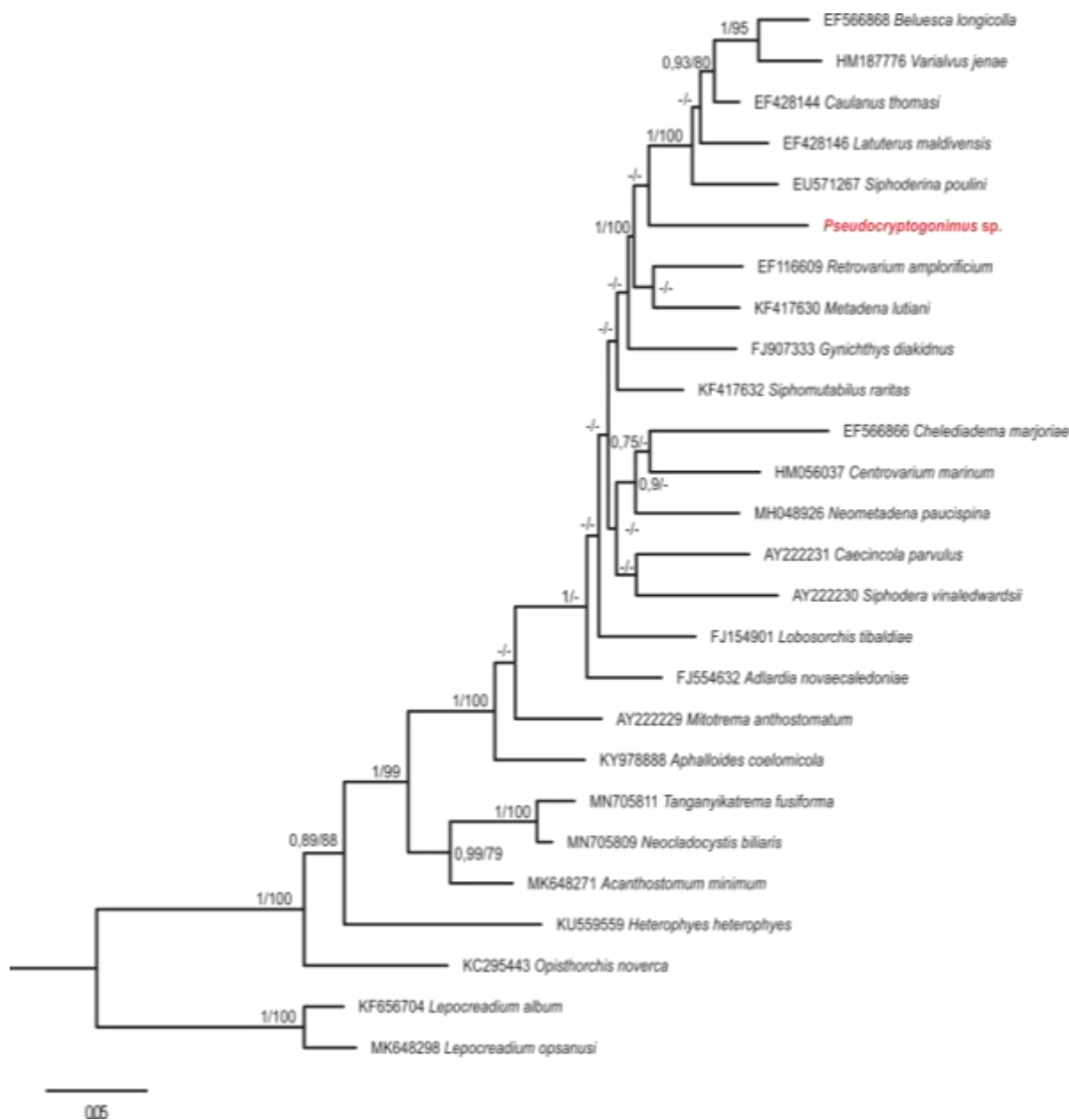


Figura 13. Relações de Cryptogonimidae com base em inferência Bayesiana (BI) e máxima verossimilhança (ML) do conjunto de dados 28S rDNA. As sequências para as espécies de foco no presente estudo são apresentadas em negrito. Os valores de suporte de probabilidades posteriores (BI) e bootstrap (ML) são mostrados, respectivamente. O suporte nodal abaixo de 75/0,75 não são mostrados. Sequências de *Lepocreadium album* (Stossich, 1890) Stossich, 1904 e *Lepocreadium opsanusi* Sogandares & Hutton, 1960, foram usados como grupo externo para o alinhamento.

Tabela 17. A matriz sombreada (superior) mostra distância-p (*pair-wise distance*) entre as sequências e a matriz não sombreada (inferior) mostra a porcentagem de similaridade (%) das sequências de nucleotídeos (885).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1. KF656704		0,04	0,27	0,20	0,20	0,21	0,19	0,22	0,21	0,21	0,20	0,20	0,22	0,22	0,23	0,21	0,22	0,20	0,20	0,19	0,22	0,21	0,20	0,21	0,20	0,21
2. MK648298	91,3		0,28	0,22	0,22	0,22	0,21	0,24	0,23	0,23	0,22	0,23	0,23	0,24	0,24	0,23	0,25	0,20	0,21	0,20	0,23	0,23	0,23	0,22	0,22	0,23
3. KY978888	55,9	55,3		0,09	0,14	0,12	0,13	0,15	0,15	0,12	0,13	0,14	0,15	0,17	0,16	0,13	0,16	0,16	0,12	0,19	0,17	0,15	0,15	0,15	0,13	0,15
4. AY222229	82,3	76,4	64,4		0,10	0,08	0,09	0,12	0,09	0,08	0,10	0,11	0,10	0,13	0,11	0,09	0,11	0,13	0,10	0,14	0,12	0,11	0,09	0,10	0,10	0,11
5. MH048926	80,6	75,7	60,8	89,5		0,07	0,09	0,11	0,08	0,08	0,08	0,09	0,09	0,11	0,08	0,07	0,10	0,14	0,12	0,17	0,14	0,13	0,08	0,09	0,08	0,09
6. KF417632	79,5	74,7	60,7	90,1	90,8		0,07	0,09	0,08	0,06	0,06	0,08	0,07	0,11	0,08	0,06	0,09	0,14	0,13	0,16	0,15	0,13	0,07	0,06	0,07	0,08
7. AY222231	82,5	77,4	62,5	91,1	90,0	90,4		0,10	0,09	0,08	0,08	0,09	0,09	0,12	0,10	0,08	0,09	0,16	0,12	0,17	0,14	0,14	0,09	0,08	0,08	0,10
8. <i>Pseudocryptogonimus</i> sp.	78,2	73,4	59,1	86,6	87,5	89,4	88,0		0,10	0,11	0,09	0,11	0,10	0,14	0,11	0,09	0,12	0,17	0,14	0,18	0,17	0,15	0,10	0,10	0,11	0,11
9. EF428146	81,0	75,5	61,1	90,5	90,8	90,0	90,4	88,0		0,09	0,08	0,06	0,09	0,12	0,09	0,04	0,11	0,16	0,13	0,16	0,14	0,13	0,06	0,08	0,08	0,06
10. FJ554632	79,6	74,5	61,1	89,5	90,0	91,9	89,5	87,1	89,3		0,08	0,09	0,07	0,12	0,07	0,07	0,09	0,15	0,12	0,16	0,15	0,13	0,08	0,07	0,06	0,08
11. EF116609	79,7	74,8	60,4	88,7	89,8	91,4	89,7	88,7	90,4	89,7		0,07	0,08	0,11	0,08	0,08	0,10	0,15	0,13	0,17	0,15	0,14	0,08	0,07	0,08	0,08
12. EF566868	79,8	74,2	59,8	88,0	89,2	90,2	89,2	87,1	91,5	89,3	90,8		0,09	0,12	0,09	0,04	0,10	0,16	0,12	0,18	0,14	0,13	0,05	0,08	0,09	0,07
13. FJ907333	78,7	73,9	59,2	88,7	88,9	91,0	88,9	88,4	89,2	90,2	90,1	89,1		0,12	0,09	0,08	0,09	0,16	0,13	0,18	0,15	0,14	0,09	0,08	0,09	0,09
14. EF566866	78,7	73,5	58,4	85,4	87,4	87,6	86,5	84,8	86,6	86,7	87,1	86,7	86,3		0,11	0,11	0,11	0,18	0,15	0,18	0,17	0,15	0,12	0,12	0,11	0,11
15. HM056037	78,0	73,3	58,8	87,2	89,5	90,0	88,0	86,6	89,0	90,3	89,9	88,6	88,6	87,5		0,09	0,11	0,17	0,14	0,19	0,17	0,15	0,10	0,08	0,09	0,09
16. EF428144	81,0	75,6	61,9	91,2	92,0	91,3	91,8	88,9	95,2	90,4	90,3	93,1	90,0	87,4	89,0		0,09	0,16	0,11	0,18	0,13	0,12	0,05	0,07	0,07	0,05
17. AY222230	80,5	75,0	61,4	89,6	89,3	89,1	91,6	86,4	89,4	88,9	87,9	87,8	88,9	86,8	87,3	91,0		0,19	0,15	0,18	0,16	0,14	0,10	0,10	0,08	0,09
18. KC295443	76,5	76,7	60,5	81,5	78,9	78,4	78,9	76,3	78,8	77,8	78,0	77,6	77,5	75,9	76,1	78,8	77,2		0,11	0,13	0,14	0,12	0,15	0,15	0,16	0,17
19. MK648271	81,0	77,4	63,0	89,4	86,4	84,8	87,5	83,4	86,5	85,4	84,6	85,1	84,3	82,9	83,9	87,5	85,5	82,8		0,12	0,07	0,06	0,13	0,12	0,13	0,13
20. KU559559	81,4	76,5	58,1	85,6	82,0	81,8	83,4	79,8	83,1	81,6	80,8	80,0	80,3	80,3	79,7	81,9	82,8	79,7	86,0		0,13	0,12	0,17	0,17	0,16	0,17
21. MN705811	80,8	76,0	60,7	88,7	85,8	84,0	86,6	82,5	86,2	84,0	84,2	84,7	83,7	82,3	82,6	86,8	85,5	80,8	92,1	85,6		0,02	0,15	0,16	0,15	0,15
22. MN705809	80,9	76,0	61,5	89,6	86,4	85,2	87,2	83,6	87,5	85,1	85,0	85,7	84,6	83,5	83,7	87,8	86,7	81,8	92,5	86,7	97,6		0,13	0,14	0,14	0,14
23. HM187776	80,0	74,1	59,2	89,0	89,6	90,5	88,8	88,0	91,4	89,4	90,4	93,0	89,3	86,5	88,2	92,4	88,4	77,8	84,6	80,8	84,1	85,4		0,09	0,09	0,07
24. KF417630	79,3	74,4	59,2	88,4	89,2	91,7	89,7	88,3	89,8	90,7	91,2	89,7	89,7	86,2	89,4	90,5	88,0	77,6	85,1	81,2	83,5	84,4	89,2		0,07	0,10
25. FJ154901	80,0	75,2	60,4	88,3	89,9	91,0	89,6	87,1	89,8	91,3	89,7	89,4	88,9	87,2	88,9	90,5	89,6	77,4	84,7	81,7	84,3	85,1	88,7	90,5		0,08
26. EU571267	79,8	74,7	59,3	87,2	89,0	90,1	88,3	87,4	91,5	89,5	90,1	90,9	88,7	87,6	88,5	92,0	88,9	77,0	84,5	81,3	83,9	85,0	90,9	88,5	90,3	

De acordo com as análises morfológicas o espécime foi identificado como *Hysterothylacium* sp. (Figura 14). Dentre as espécies registradas no Genbank para a superfamília Ascaridoidea, *Hysterothylacium* sp. registrado no presente trabalho esteve mais relacionada com as espécies de família Raphidascarididae (*Hysterothylacium sinense* e *Hysterothylacium liparis*) (Figura 14). Na identidade gênica (Tabela 18) foi possível observar que *Hysterothylacium* sp. variando entre 77,7% – 85,2% com as outras espécies de Ascaridoidea. Mais análises morfológicas são necessárias para determinar se *Hysterothylacium* sp. aqui estudada trata-se de uma nova caracterização molecular para uma espécie de *Hysterothylacium* já descrita ou se trata de uma nova espécie ainda desconhecida para a ciência.

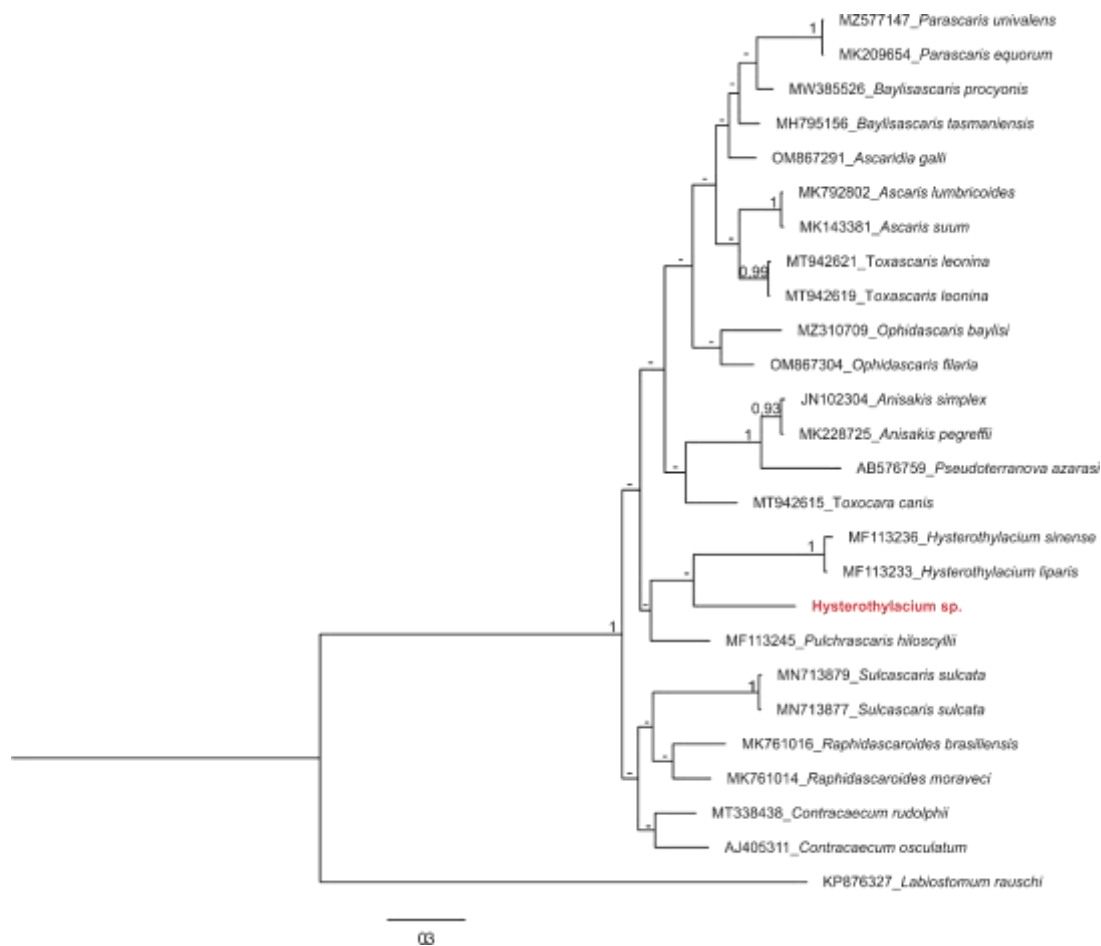


Figura 14. Relações de Ascaridoidea com base em inferência Bayesiana (BI) do conjunto de dados COI. As sequências para as espécies de foco no presente estudo são apresentadas em vermelho. Os valores de suporte de probabilidades posteriores (BI) são mostrados, o suporte nodal abaixo de 75/0,75 não são mostrados. Sequência de *Labiostomum rauschi* Akhtar 1956 foi usada como grupo externo para o alinhamento.

Tabela 18. A matriz sombreada (superior) mostra distância-p (*pair-wise distance*) entre as sequências e a matriz não sombreada (inferior) mostra a porcentagem de similaridade (%) das sequências de nucleotídeos (359).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1. KP876327		0,47	0,46	0,41	0,38	0,39	0,37	0,37	0,38	0,38	0,36	0,34	0,35	0,33	0,34	0,33	0,31	0,32	0,32	0,33	0,34	0,35	0,31	0,30	0,29	0,28
2. MF113236	66,9		0,02	0,24	0,24	0,24	0,23	0,20	0,20	0,22	0,19	0,22	0,22	0,22	0,21	0,22	0,23	0,23	0,23	0,19	0,21	0,21	0,22	0,21	0,20	0,20
3. MF113233	67,7	97,8		0,23	0,24	0,24	0,23	0,19	0,19	0,21	0,18	0,21	0,21	0,20	0,20	0,21	0,21	0,23	0,23	0,17	0,20	0,20	0,22	0,20	0,18	0,19
4. <i>Hysterothylacium</i> sp.	69,9	79,9	80,8		0,28	0,24	0,23	0,23	0,23	0,20	0,17	0,20	0,21	0,20	0,19	0,21	0,20	0,23	0,23	0,17	0,24	0,25	0,19	0,19	0,20	0,20
5. AB576759	71,6	79,9	80,2	77,7		0,12	0,12	0,21	0,21	0,17	0,18	0,19	0,19	0,19	0,19	0,17	0,20	0,18	0,18	0,16	0,14	0,14	0,18	0,16	0,17	0,17
6. JN102304	71,3	80,2	80,2	79,9	89,1		0,01	0,20	0,20	0,15	0,18	0,20	0,20	0,18	0,19	0,15	0,16	0,15	0,15	0,16	0,16	0,16	0,16	0,16	0,15	0,15
7. MK228725	72,1	81,1	80,5	80,8	89,1	98,9		0,19	0,19	0,14	0,18	0,19	0,19	0,18	0,18	0,14	0,16	0,15	0,15	0,15	0,16	0,16	0,15	0,16	0,15	0,14
8. MN713879	72,1	83,0	83,3	81,1	82,2	83,0	83,3		0,01	0,18	0,15	0,16	0,15	0,15	0,20	0,18	0,17	0,20	0,20	0,19	0,20	0,20	0,19	0,18	0,18	0,18
9. MN713877	71,6	83,0	83,3	81,1	82,2	83,0	83,3	99,4		0,18	0,15	0,16	0,15	0,15	0,20	0,18	0,17	0,20	0,20	0,19	0,20	0,20	0,19	0,18	0,18	0,18
10. MF113245	72,4	81,6	82,2	82,7	85,0	86,4	87,2	84,1	84,1		0,15	0,13	0,15	0,15	0,19	0,16	0,15	0,17	0,17	0,13	0,14	0,14	0,16	0,14	0,14	0,14
11. MK761016	73,3	83,6	84,1	84,7	84,7	84,1	84,4	86,9	86,9	86,4		0,11	0,15	0,13	0,17	0,16	0,14	0,19	0,19	0,14	0,15	0,16	0,16	0,13	0,13	0,13
12. MK761014	74,7	80,8	82,2	83,3	83,6	83,0	83,6	85,8	85,8	88,6	89,4		0,11	0,12	0,19	0,13	0,13	0,14	0,14	0,13	0,13	0,14	0,13	0,13	0,13	0,12
13. MT338438	73,3	81,3	82,2	81,9	83,8	83,0	83,8	86,4	86,4	86,4	86,6	89,7		0,11	0,16	0,14	0,14	0,17	0,17	0,14	0,15	0,16	0,15	0,13	0,15	0,15
14. AJ405311	74,7	81,6	83,0	82,7	83,6	84,1	84,4	86,6	86,6	86,9	88,3	89,1	89,7		0,15	0,13	0,12	0,15	0,15	0,12	0,13	0,13	0,14	0,11	0,12	0,12
15. MZ310709	74,1	81,9	82,7	83,8	83,8	83,8	84,1	82,7	82,7	84,1	85,2	83,8	85,5	86,4		0,15	0,12	0,15	0,15	0,13	0,15	0,16	0,14	0,13	0,12	0,11
16. MT942615	74,9	81,1	82,2	82,2	85,5	86,6	87,2	84,4	84,4	86,1	85,5	88,0	87,2	88,3	86,4		0,15	0,13	0,13	0,12	0,14	0,14	0,11	0,11	0,12	0,12
17. OM867304	75,8	80,8	81,6	82,7	82,7	85,5	85,8	85,2	85,2	86,6	87,2	88,6	87,7	89,1	89,4	86,4		0,12	0,12	0,12	0,10	0,11	0,10	0,11	0,10	0,10
18. MZ577147	75,5	80,2	80,8	81,1	84,7	86,4	86,4	82,7	82,7	85,2	83,8	87,2	85,0	86,6	86,9	88,0	89,4		0,00	0,12	0,12	0,12	0,09	0,11	0,13	0,13
19. MK209654	75,5	80,2	80,8	81,1	84,7	86,4	86,4	82,7	82,7	85,2	83,8	87,2	85,0	86,6	86,9	88,0	89,4	100		0,12	0,12	0,12	0,09	0,11	0,13	0,13
20. MH795156	74,7	83,6	84,7	85,2	86,1	86,1	86,9	83,6	83,6	88,6	87,7	88,6	87,5	89,1	88,0	88,9	89,4	89,1	89,1		0,08	0,09	0,07	0,08	0,08	0,08
21. MK792802	74,4	81,9	82,7	79,9	87,7	85,8	85,8	83,0	83,0	87,7	86,4	88,3	86,6	88,3	86,6	87,7	90,5	88,9	88,9	92,2		0,01	0,11	0,10	0,07	0,07
22. MK143381	74,1	81,6	82,5	79,7	87,2	85,5	85,5	83,0	83,0	87,7	85,8	87,7	86,1	88,3	86,1	87,2	90,0	88,9	88,9	91,6	99,4		0,12	0,11	0,08	0,08
23. MW385526	75,8	81,1	81,6	83,6	84,1	86,1	86,4	83,3	83,3	86,1	85,8	88,0	86,6	87,5	87,7	90,0	90,5	91,4	91,4	93,6	90,0	89,4		0,07	0,08	0,08
24. OM867291	76,6	81,9	82,7	83,6	86,1	85,8	86,1	84,4	84,4	87,2	88,0	88,6	88,3	90,3	88,6	90,3	90,3	89,7	89,7	92,8	90,8	90,3	93,0		0,07	0,07
25. MT942621	77,4	83,0	83,8	82,5	85,2	86,6	86,9	84,4	84,4	87,2	88,3	88,6	86,6	88,9	89,4	89,4	90,5	88,3	88,3	92,5	93,0	92,5	92,2	93,0		0,00
26. MT942619	77,7	82,7	83,6	82,5	85,5	86,9	87,2	84,1	84,1	87,5	88,6	88,9	86,9	89,1	89,7	89,1	90,8	88,6	88,6	92,8	93,3	92,8	92,5	93,3	99,7	

CONSIDERAÇÕES FINAIS DO RELATÓRIO

Com base nos resultados obtidos até o momento, fica clara a grande biodiversidade dos parasitos de peixes coletados no Complexo Estuarino-Lagunar-Mundaú-Manguaba. Serão realizados novos registros de hospedeiros e localidades, e a descrição de novas espécies para a Ciência. A análise físico-química da água está indicando que existe diferença entre os pontos analisados e desta forma a continuidade desta análise é necessária para um diagnóstico mais preciso.

As análises moleculares estão também em fase inicial e agora há necessidade de uma extensa revisão taxonômica para definição das espécies que foram obtidos as sequências e árvores filogenéticas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Bowles J, Hope M, Tiu W, Liu X, McManus D (1993) Nuclear and mitochondrial genetic markers highly conserved between Chinese and Philippine *Schistosoma japonicum*. *Acta Tropica*, v.55, p.217–229. [https://doi.org/10.1016/0001-706X\(93\)90079-Q](https://doi.org/10.1016/0001-706X(93)90079-Q)
- Chen H-X, Zhang L-P, Li L (2018). Morphological and molecular characterization of *Megalobatrachonema hainanensis* sp. nov. (Nematoda: Ascaridida), with phylogenetic position of *Megalobatrachonema* in Cosmocercoidea. *Journal of Helminthology*, p.1–7. <https://doi.org/10.1017/S0022149X18001086>
- Cribb, T. H., Anderson, G. R., Adlard, R. D., & Bray, R. A. (1998). A DNA-based demonstration of a three-host lifecycle for the Bivesiculidae (Platyhelminthes: Digenea). *International Journal for Parasitology*, v.28, p.1791–1795. [https://doi.org/10.1016/S0020-7519\(98\)00127-1](https://doi.org/10.1016/S0020-7519(98)00127-1)
- Edgar, R. C. (2004) MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput, *Nucleic Acids Research*, v.32, n.5, p.1792–1797, <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- Eiras, J. C.; Takemoto, R. M.; Pavanelli, G. C. (2006) Métodos de Estudo e Técnicas Laboratoriais em Parasitologia de Peixes. 2ª ed. Maringá: EDUEM, 199p.
- Posada D. (2008) jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, v.25, p.1253–1256. <https://doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- Rambaut A. (2009) FigTree version 1.3.1. *Molecular evolution, phylogenetics and epidemiology: Fig-Tree*. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>
- 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, Drummond A. (2012) Geneious

- Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, v.28, p.1647–1649. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts199>
- Littlewood, D. T. J., Curini-Galletti, M., and Herniou, E. A. (2000) The interrelationships of Proseriata (Platyhelminthes: Seriata) flatworms tested with molecules and morphology. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v.16, p.449–466. <https://doi.org/10.1006/mpev.2000.0802>
- Littlewood DTJ and Olson PD (2001) Small subunit rDNA and the Platyhelminthes: signal, noise, conflict and compromise. pp. 262–278 in Littlewood DTJ and Bray RA (Eds) *Interrelationships of Platyhelminthes*. London, Taylor & Francis.
- Ronquist F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP. (2012) MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, v.61, n.3, p.539-42. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>

DIFICULDADES SURGIDAS

Devido à pandemia causada pelo Coronavírus, ocorreu um atraso no projeto, já que no início previsto, os pescadores não estavam fazendo coleta de peixes e os laboratórios do Centro Universitário Cesmac estavam fechados impossibilitando a coleta, necropsia e processamento dos peixes e parasitos coletados.

CRONOGRAMA DAS ETAPAS SEGUINTE

Será dada continuidade nas coletas dos peixes, necropsias e processamento dos parasitos para as diferentes finalidades como proposto no projeto inicial.

A análise de Biologia Molecular já foi iniciada e será continuada, assim como a coleta e análise de material para o estudo de acumulação de metais-traço.

Atividades	2021												2022												2023
	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	F	M	A	M	J	J	A	S	O	N	D	J	
Aquisição dos peixes, água e sedimento	x					x																			
Necropsia dos peixes e coleta de parasitos	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x											
Coleta de tecidos dos hospedeiros e parasitos para análise do ICP-MS	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x	x											
Análise do ICP-MS						x	x	x	x			x	x	x	x										
Análise de Biologia Molecular						x	x	x	x			x	x	x	x										
Análise de MEV									x	x	x	x			x	x	x	x							
Análise Estatística																			x	x	x				
Apresentação de resultados parciais e finais (Participação em congressos)						x									x								x		
Relatório parcial e final											x													x	
Redação de artigos												x			x								x	x	

As etapas em vermelho representam atividades já executadas. As etapas em preto, representam as atividades a serem desenvolvidas no segundo ano do projeto.

DESCRIÇÃO E AVALIAÇÃO DO APOIO INSTITUCIONAL RECEBIDO NO PERÍODO

Os recursos da Reserva Técnica Institucional ainda não foram repassados para a Universidade e, portanto, o projeto não teve nenhum apoio institucional específico até o momento. Por outro lado, a Instituição está dando todo apoio logístico para a prestação de contas do projeto, através do Escritório Regional de Pesquisa (ERAPI), o que contribui sobremaneira o desenvolvimento do projeto.

PLANO DE GESTÃO DE DADOS

O plano de gestão de dados está sendo implementado no projeto. Até o presente momento, todos os dados gerados e apresentados na forma de relatório estão sendo depositados no repositório da Unesp e disponibilizados para acesso público.

As publicações resultantes do projeto também podem ser acessadas no link “new taxa described”, disponibilizado no site da Universidade: <https://www.ibb.unesp.br/#!/ensino/departamentos/parasitologia/laboratorios/laboratorio-de-parasitologia-de-animais-silvestres/new-taxa-described/>

Para o próximo período, após a identificação taxonômica completa, todos os *taxa* descritos ou relatados serão depositados em Coleção Helmintológica e também disponibilizados para a comunidade.

PARTICIPAÇÃO EM EVENTO CIENTÍFICO (UTILIZAÇÃO DOS BENEFÍCIOS COMPLEMENTARES)

Trabalhos em congressos:

- SILVA, R. J.; NARCISO, R. B.; VIEIRA, D. H. M. D.; FERREIRA, T. G.; PEREIRA, M. M. O.; SANTOS JR., M. J.; EBERT, M. B. Rearing tilapia (*Oreochromis niloticus*) in ponds from a river spring: ecological implications. Trabalho a ser apresentado de como painel no **World Aquaculture 2021**, a ser realizado no período de 24 a 27 de maio de 2002 em Mérida, México (**Anexo 1**).

PUBLICAÇÕES REALIZADAS NO PERÍODO

Artigo científico publicado (utilização da Reserva Técnica do projeto):

- FRANCESCHINI, L.; AGUIAR, A.; ZAGO, A. C.; YAMADA, P. O. F.; EBERT, M. B.; SILVA, R. J. Three new species of *Creptotrema* (Trematoda, Allocreadiidae) with an amended diagnosis of the genus and reassignment of *Auriculostoma* (Allocreadiidae), based on morphological and molecular evidence. **Parasite**, v.28, p.69, 2021 (**Anexo 2**).

Artigo submetido para publicação:

- VIEIRA, D. H. M. D.; AGOSTINHO, B. N.; NEGRELLI, D. C.; SILVA, R. J.; AZEVEDO, R. K.; ABDALLAH, V. D. Taxonomy and systematics of two new species of *Myxobolus* (Cnidaria: Myxobolidae) parasitizing the gills of *Mugil curema* (Mugilidae) from the Brazilian coast. Artigo submetido para a revista **Acta Parasitologica** (**Anexo 3**).

Matéria de divulgação:

- Pesquisador da UNESP é recebido no Cesmac para desenvolvimento de projeto entre FAPEAL e FAPESP (**Anexo 4**)

RELATÓRIO DA BOLSA TT-3 VINCULADA AO PROJETO

Bolsista: Cristiana Ferreira da Silva

Título: O conhecimento da fauna parasitária dos peixes e o seu uso no processo de gestão de recursos hídricos e impactos ambientais.

Período de vigência: 01/07/2021 a 31/01/2023

O relatório da bolsa TT-3 está apresentado no **Anexo 5**.