**DIVERSIDADE CRÍPTICA DO GÊNERO *RHABDIAS* PARASITOS PULMONARES DE ANUROS**

**Cryptic diversity of the genus *Rhabdias* anurans pulmonary parasites**

Lorena Euclydes¹, Karla Magalhães Campião¹

1 Programa de Pós-Graduação em Zoologia. Universidade Federal do Paraná.

lorena.euclydes@gmail.com

Parasitos são importantes componentes dos ecossistemas, sendo responsáveis por regular populações hospedeiras e contribuir para maior fluxo energético nas redes tróficas. Apesar da importância desses organismos, o conhecimento da sua diversidade ainda é subestimado. Conhecer melhor a diversidade e diferenciação dos grupos de parasitos é importante para compreender melhor aspectos relacionados a sua ecologia, história natural e evolutiva, e como estes fatores interferem na interação com os hospedeiros. *Rhabdias* (Nematoda) é um gênero de parasitos pulmonares que tipifica bem o problema de diversidade subestimada, uma vez que possui diversas espécies crípticas. O gênero é composto por mais de 80 espécies associadas a anfíbios e répteis, sendo que mais de 18 espécies ocorrem em regiões neotropicais. Identificações baseadas apenas em características morfológicas dificultam a resolução dos problemas taxonômicos, pois a morfologia de algumas *Rhabdias* é muito conservada. Neste estudo utilizamos uma abordagem taxonômica que integra dados morfológicos e moleculares com objetivo delimitar unidades da diversidade por meio da identificação de espécies do gênero *Rhabdias*. Para obtenção dos dados morfométricos, utilizamos parasitos já coletados e fixados, clarificamos os parasitos com lactofenol de Aman e confeccionamos lâminas temporárias. Medimos estruturas de valor taxonômico para identificação utilizando microscópio óticoe *Image J* para obter as medidas. Para a coleta dos dados moleculares, realizamos a extração do DNA de acordo com o manual do kit de extração *Wizard® Genomic DNA Purification Kit*. Em seguida, o DNA purificado foi submetido a uma PCRconvencional com os *primers* previamente desenhados, e a análise desses fragmentos foi realizada por meio de um gel de agarose. Após amplificação, as amostras foram submetidas a uma PCR para o sequenciamento (sequenciador *ABI PRISM 3500 Genetic Analyser*). Utilizamos o software *FinchTV Version* 1.4.0 para analisar os eletroferogramas e o *Clustal Omega* para alinhamento das sequências*.* Para inferir a filogenia utilizamos Máxima Verossimilhança (MV) implementado no software *PhyML* 3.0, e Inferência Bayesiana (IB) utilizando o *MrBayes* 3.2.7, o modelo de evolução selecionado de acordo com o critério AIC foi o modelo geral reversível no tempo (GRT). Identificamos 8 espécies: *Rhabdias fuelleborni*, *Rhabdias elegans*, *Rhabdias androgyna*, *Rhabdias tobagoense*, e outras quatro espécies novas, sendo *R. fuelleborni* encontrada em cinco hospedeiros diferentes e as outras encontramos parasitando apenas um hospedeiro, os anuros analisados pertencem a seis famílias (Brachycephalidae, Bufonidae, Hylidae, Hylodidae, Leptodactylidae, Odontophrynidae). Identificamos características morfológicas importantes para a descrição e obtivemos as sequências moleculares do gene mitocondrial citocromo oxidase I (COI), que inferem a diferenciação entre as espécies já descritas e das novas que encontramos. Duas espécies morfologicamente distintas apresentaram sequências do COI idênticas. As duas filogenias MV e IB não apresentaram semelhança nas topologias, sendo a filogenia IB com os maiores valores de suporte. Como perspectivas futuras iremos realizar mais coletas para aumentar a diversidade amostrada, para compreender melhor a relação (filogenética) entre essas espécies.

**Palavras-chave:** Taxonomia integrativa, Parasito-hospedeiro, Rhabdiasidae