

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE MINAS GERAIS

Programa de Pós-graduação em Zoologia de Vertebrados

Marina Lages Pugedo

**TESTANDO A ABORDAGEM DO DNABARCODING EM UMA REGIÃO
NEOTROPICAL COM BAIXO CONHECIMENTO TAXONÔMICO**

Belo Horizonte

2014

Marina Lages Pugedo

**TESTANDO A ABORDAGEM DO DNABARCODING EM UMA REGIÃO
NEOTROPICAL COM BAIXO CONHECIMENTO TAXONÔMICO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Zoologia de Vertebrados da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Zoologia de Vertebrados.

Orientador: Prof. Dr. Daniel Cardoso de Carvalho

Belo Horizonte

2014

ABSTRACT

The Jequitinhonha River Basin is one of eastern Brazil's largest river drainages, characterized by a high rate of endemism and is therefore considered an area of high priority for fish conservation. Although poorly studied, its ichthyofauna is estimated to be composed of 63 species, five of them are threatened by extinction and at least 15 are endemic species. Molecular identification through DNA Barcoding was proposed as a way to standardize a global biodiversity identification system using a partial sequence of the mitochondrial COI gene. However, the monogenic DNA Barcoding approach has been widely criticized for species identification and discovery. Thus, here we tested whether DNA Barcoding is an efficient method for ichthyofauna identification from a Neotropical region with low taxonomic knowledge, such as the Jequitinhonha River Basin. The COI sequenced was obtained from 260 individuals which included 52 species distributed among 37 genera, 20 families and 6 orders, representing approximately 80% of all its ichthyofauna and including threatened and rare species such as *Rhamdia jequitinhonha* and *Steindachneridion amblyura*. The mean Kimura two-parameter genetic distances within species, genera and families were: 0.44%, 12.16% and 20.58%, respectively. Mean intraspecific genetic variation ranged from 0 to 11.43%, and high values (> 2%) were recovered for: *Pimelodella* sp., *Rhamdia quelen* and *Trichomycterus*. The Barcode Index Number (BIN) analysis recovered 54 clusters from 52 previously identified species, also suggesting the presence of at least three cryptic species within *Pimelodella* sp., *Rhamdia quelen*, and *Trichomycterus* sp.. In conclusion, DNA Barcoding was able to correctly differentiate all 52 species analyzed from the Jequitinhonha River Basin and therefore, delivered an efficient approach for species identification and

discovery by flagging possible cryptic species even in an area of low taxonomic knowledge.

Keywords: Molecular identification, COI, *barcodes*, cryptic species.

RESUMO

A drenagem do rio Jequitinhonha é uma das maiores bacias do Leste Brasileiro, caracterizado pela alta taxa de endemismo, e por isso, considerado uma área prioritária para a conservação de peixes. Apesar de pouco estudada até o momento, a sua ictiofauna é estimada em 63 espécies, sendo cinco ameaçadas de extinção e pelo menos 15 endêmicas. A identificação molecular por meio do DNA *Barcoding* foi proposta visando padronizar um sistema global de identificação da biodiversidade utilizando o gene COI. Entretanto diversas críticas foram feitas à essa abordagem monogênica. Dessa forma, o presente trabalho testou a eficácia do DNA *Barcoding* na identificação da ictiofauna de uma bacia Neotropical pouco estudada, como a bacia do Rio Jequitinhonha. Foram sequenciados 260 indivíduos, pertencentes a 52 espécies distribuídas em 37 gêneros, 20 famílias e 6 ordens, representando aproximadamente 80% de toda ictiofauna e incluindo as espécies raras e ameaçadas *Rhamdia jequitinhonhae* Steindachner e *idionamblyura*. A distância genética média (Kimura-2-Parametros) entre espécies, gêneros e famílias foi de 0.44%; 12.16% e 20.58%, respectivamente. A distância média intraespecífica variou de 0% a 11,43%, e elevados valores (> 2%) foram encontrados para as espécies: *Pimelodella* sp., *Rhamdia quelen* e *Trichomycterus* sp. A análise de *Barcode Index Number* (BIN) revelou 54 clusters de 52 espécies previamente identificadas, sugerindo a presença de pelo menos 3 espécies crípticas em *Pimelodella* sp., *Rhamdia quelen* e *Trichomycterus* sp.. Concluindo, mesmo quando considerada uma bacia hidrográfica Neotropical com baixo conhecimento taxonômico, o DNA *Barcoding* foi eficiente na discriminação de todas as 52 espécies analisadas da bacia do Rio Jequitinhonha, e assim, se mostrou uma ferramenta eficiente para a identificação e sinalização da

presença de possíveis espécies crípticas mesmo em uma área com pouco conhecimento taxonômico.

Palavras-chave: Identificação molecular, COI, *barcodes*, espécies crípticas.