



IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR (DNA *BARCODE*) DE PEIXES DA ORDEM DOS SILURIFORMES PERTENCENTES AOS RIOS DA BACIA DO PARAGUAI/MS

THALLES POLICARPO DE CARVALHO LIMA¹; ANDRÉA ALVES DO EGITO²;
GELSON LUÍS DIAS FEIJÓ³; RODINEY DE ARRUDA MAURO⁴; ANDRÉ LUIZ
JULIEN FERRAZ⁵

¹Zootecnista, estudante de pós-graduação, Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, e-mail: thallescarvalho02@hotmail.com.br

²Pesquisadora- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Corte, e-mail: andrea.egito@embrapa.br

³Pesquisador- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Corte, e-mail: gelson.feijo@embrapa.br

⁴Pesquisador- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Corte, e-mail: rodiney.mauro@embrapa.br

⁵Professor da Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Departamento de Zootecnia, e-mail: splinter@uems.br

Resumo: Estudos recentes têm proposto o uso de um segmento do gene mitocondrial “Citocromo Oxidase subunidade I” (COI) como um sistema global de identificação para animais. Essas sequências têm sido interpretadas como um código de barras (*barcode*), delimitando as espécies por uma sequência particular ou por um conjunto de sequências muito similares. O objetivo do trabalho foi avaliar a eficácia do código de barras (*barcode*) na identificação de peixes da ordem dos siluriformes nos rios da Bacia do Paraguai. O DNA foi extraído da nadadeira caudal totalizando 15 espécies, 11 gêneros, 5 famílias e uma ordem (total=62). Após a amplificação por PCR da região alvo do gene COI obteve-se um fragmento de 633 pb o qual foi sequenciado em um equipamento ABI3170. As sequências foram editadas pelo programa SeqScape v 2.1, alinhadas usando o ClustalW e analisadas no programa Mega 6.0. O modelo Kimura 2 parâmetros foi utilizado para estimar distância genética média dentro das espécies de 0,003%, dentro das famílias de 0,04% e dentro da ordem 0,17%. Após análise, foram formados 15 grupos que correspondem às 15 espécies identificadas pela análise morfológica, indicando a eficácia do sistema de identificação por DNA *barcode*. Assim, esta ferramenta molecular demonstra sua importância para estudo da biodiversidade da ictiofauna dos rios brasileiros, o que contribui para o conhecimento e manutenção das espécies.

Palavras-chave: Peixes; COI; Biodiversidade.

Agradecimentos

UEMS, CAPES, Embrapa.

