

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)



Conceitos Básicos da Genética

Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto

(Organizador)

Conceitos Básicos da Genética

Atena Editora

2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Geraldo Alves
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.ª Dr.ª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)
<p>C744 Conceitos básicos da genética [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos do sistema: Adobe Acrobat Reader. Modo de Acesso: World Wide Web Inclui bibliografia. ISBN 978-85-7247-421-4 DOI 10.22533/at.ed.214192106</p> <p>1. Genética – Estudo e ensino. 2. Genética e melhoramento. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 576</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior CRB6/2422

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

Há exatos dezanove anos, mais precisamente na data de 21 de junho de 2000, um dos anúncios mais esperados nos últimos tempos pela comunidade científica era feito: simultaneamente nos Estados Unidos e em Londres o presidente Bill Clinton e o primeiro ministro Tony Blair divulgaram, o que segundo eles seria uma nova era para a humanidade, o sequenciamento do genoma humano. O “rascunho da vida” como denominaram traria novas expectativas quanto à doenças incuráveis, desafios éticos, novas propostas tecnológicas para a pesquisa, mas principalmente uma acessibilidade muito maior ao conceito de genética para a população.

Desde então uma revolução molecular pôde ser observada, novos conceitos adentraram às salas de aula, novos equipamentos evoluíram os laboratórios de pesquisa, novos e milhares de artigos passaram a publicar quase que “em tempo real” as descobertas no campo ambiental, microbiológico, industrial e da saúde. Podemos dizer também que a genética chegou como nunca às mesas das famílias, deixando de ser um assunto apenas dos cientistas.

Portanto a literatura aqui apresentada e intitulada “Conceitos básicos da genética” torna-se relevante não apenas por abordar assuntos relativos à comunidade acadêmica, mas principalmente por demonstrar a diversidade de áreas que hoje utilizam das ferramentas genéticas e moleculares em seus estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Cada vez mais, o acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação. A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos.

Esperamos que seja apenas o primeiro de muitos outros livros na área, já que a cada dia novas tecnologias genéticas tornam-se acessíveis e novas descobertas são possíveis. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
FERRAMENTAS GENÔMICAS E GEOGRÁFICAS PARA AVALIAR A DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES SUÍNAS	
<i>Elizabete Cristina da Silva</i>	
<i>Samuel Rezende Paiva</i>	
<i>Concepta Margaret McManus Pimentel</i>	
<i>Victor Huço de Vasconcelos Calado</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921061	
CAPÍTULO 2	12
A ABORDAGEM DE GENÉTICA SOB O OLHAR DOS DISCENTES DE ENFERMAGEM DE UMA INSTITUIÇÃO DE ENSINO SEMIPRESENCIAL NO MUNICÍPIO DE ANANINDEUA, ESTADO DO PARÁ	
<i>Letícia Gomes de Oliveira</i>	
<i>Maria Josilene Castro de Freitas</i>	
<i>Brena Yasmim Barata Nascimento</i>	
<i>Shirlene de Nazaré Costa da Silva</i>	
<i>Leandro Neves da Silva Costa</i>	
<i>Dolanno Ferreira Alves</i>	
<i>Adan Rodrigues de Oliveira</i>	
<i>Joycianne Rodrigues Parente</i>	
<i>Karina Guedes Lima</i>	
<i>Abigail das Mercês do Vale Batista</i>	
<i>Dayara de Nazaré Rosa de Carvalho</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921062	
CAPÍTULO 3	17
A GENÉTICA TOXICOLÓGICA E O BIOENSAIO <i>Allium cepa</i>	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921063	
CAPÍTULO 4	25
ANÁLISES GENÉTICAS NÃO INVASIVAS E SUA CONTRIBUIÇÃO PARA A GENÉTICA DA CONSERVAÇÃO DE FELINOS BRASILEIROS	
<i>Andiara Silos Moraes de Castro Souza</i>	
<i>Bruno Henrique Saranholi</i>	
<i>Pedro Manoel Galetti Jr</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921064	
CAPÍTULO 5	40
AVALIAÇÃO DA DISCIPLINA DE GENÉTICA HUMANA FRENTE ÀS DIRETRIZES CURRICULARES NACIONAIS PARA O CURSO DE GRADUAÇÃO EM MEDICINA	
<i>Sulyanne Saraiva de Almeida</i>	
<i>Alcivan Batista de Moraes Filho</i>	
<i>João Paulo da Silva Liberalino</i>	
<i>Sandy Albuquerque Silveira</i>	
<i>Bruna Prado de Oliveira</i>	
<i>Thales Allyrio Araújo de Medeiros Fernandes</i>	
DOI 10.22533/at.ed.2141921065	

CAPÍTULO 6 54

CITOGENOTOXICIDADE E MUTAGENICIDADE DO SULFATO DE COBRE EM DIFERENTES VARIEDADES DE *allium cepa* LINN

Júlio Brando Messias
Rosanne Lopes de Brito
Gerusa Tomaz de Aquino Beltrão
Inalda Maria de Oliveira Messias
Mônica Simões Florêncio
Betty Rose de Araújo Luz
Sura Wanessa Nogueira Santos Rocha
Mércia Cristina de Magalhães Caraciolo
João Ferreira da Silva Filho

DOI 10.22533/at.ed.2141921066

CAPÍTULO 7 65

COMO SURGEM NOVAS ENZIMAS? EVOLUÇÃO MOLECULAR DE NOVAS CÓPIAS GÊNICAS NA SUPERFAMÍLIA DAS RODANASES EM DIPTERA

Luana Sousa Soares
Iderval da Silva Júnior Sobrinho

DOI 10.22533/at.ed.2141921067

CAPÍTULO 8 83

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Hoplias malabaricus* (BLOCH, 1794) REVELA DIFERENTES LINHAGENS EM BACIAS MARANHENSES

Walna Micaelle de Moraes Pires
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921068

CAPÍTULO 9 98

DNA BARCODING CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS NA ICTIOFAUNA DO RIO TURIAÇU, MARANHÃO/BRASIL

Bruno Rafael da Silva Teixeira
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.2141921069

CAPÍTULO 10 111

EVALUATION OF HETEROLOGOUS PROTEIN EXPRESSION AT DIFFERENT CONCENTRATIONS OF MGSO₄ AND IPTG IN ESCHERICHIA COLI W110

Yago Queiroz dos Santos
Gabriella Silva Campos Carelli
Bruno Oliveira de Veras
Joelton Igor Oliveira da Cruz
Geovanna Maria Medeiros Moura
Antônio Moreira Marques Neto
Anderson Felipe Jácome de França

DOI 10.22533/at.ed.21419210610

CAPÍTULO 11 119

ANÁLISE DA IMPORTANCIA DE ESTUDOS DO GENE MDR1 E SEU PAPEL NO DESENVOLVIMENTO DE MULTIRESTENCIA A FÁRMACOS PARA TRATAMENTO DE CANDIDÍASE

Lucas Lopes Lima

Benedito R. Da Silva Neto

DOI 10.22533/at.ed.21419210611

CAPÍTULO 12 128

EVALUATION OF PLASMA MIRNAS FOR EARLY DIAGNOSIS OF BREAST CANCER

Alexis Germán Murillo Carrasco

Stefano Giannoni Luza

Oscar Acosta Conchucos

José Manuel Cotrina Concha

Alfredo Aguilar Cartagena

Lia Pamela Rebaza Vásquez

Ricardo Miguel Fujita Alarcón

José Luis Buleje Sono

DOI 10.22533/at.ed.21419210612

CAPÍTULO 13 139

POLIMORFISMO DO GENE GOLA-DRB.2 EM REBANHOS CAPRINOS LEITEIROS

Luciana Florêncio Vilaça Lopes

Elizabete Cristina da Silva

Elizabete Rodrigues da Silva

Severino Benone Paes Barbosa

Ângela Maria Vieira Batista

Kleber Régis Santoro

DOI 10.22533/at.ed.21419210613

CAPÍTULO 14 151

IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PEIXES DA APA DO INHAMUM, LESTE MARANHENSE, BRASIL

Renato Corrêa Lima;

Marcelo Silva de Almeida;

Maria Claudene Barros;

Elmary da Costa Fraga;

DOI 10.22533/at.ed.21419210614

CAPÍTULO 15 169

MIRNAS: UMA CLASSE DE PEQUENOS RNAs REGULATÓRIOS

Juliana Santana de Curcio

Kleber Santiago Freitas e Silva

Lívia do Carmo Silva

Amanda Alves de Oliveira

Thaynara Gonzaga Santos

Lucas Weba Soares

DOI 10.22533/at.ed.21419210615

CAPÍTULO 16	179
O CICLO CELULAR E SEUS MECANISMOS DE CONTROLE: UMA REVISÃO	
<i>Schirley Costalonga</i>	
<i>Maria do Carmo Pimentel Batitucci</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210616	
CAPÍTULO 17	191
OSTEOSSARCOMA PEDIÁTRICO	
<i>Natália Paiva do Nascimento</i>	
<i>Thauanna Alves Meira</i>	
<i>Mariana Camargo Maschietto</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210617	
CAPÍTULO 18	202
PHYLOGENETIC ANALYSIS AND IDENTIFICATION OF A CELLULASE PRODUCING BACILLUS SP. STRAIN BY 16S RRNA SEQUENCING	
<i>Yago Queiroz dos Santos</i>	
<i>Anderson Felipe Jácome de França</i>	
<i>Bruno Oliveira de Veras</i>	
<i>Gabriella Silva Campos Carelli</i>	
<i>Geovanna Maria Medeiros Moura</i>	
<i>Joelton Igor Oliveira da Cruz</i>	
<i>Fernanda Granja da Silva Oliveira</i>	
<i>João Ricardhis Saturnino de Oliveira</i>	
<i>Luciclaudio Cassimiro de Amorim</i>	
<i>Elizeu Antunes dos Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210618	
CAPÍTULO 19	210
POLIMORFISMOS GENÉTICOS E DOENÇAS HUMANAS NA ERA DA BIOINFORMÁTICA	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana de Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Amanda Alves de Oliveira</i>	
<i>Thaynara Gonzaga Santos</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210619	
CAPÍTULO 20	226
QUIMIOPROTEÔMICA: DESCOBRINDO MOLÉCULAS BIOATIVAS E SEUS ALVOS	
<i>Lívia do Carmo Silva</i>	
<i>Kleber Santiago Freitas e Silva</i>	
<i>Juliana Santana De Curcio</i>	
<i>Lucas Weba Soares</i>	
DOI 10.22533/at.ed.21419210620	
SOBRE O ORGANIZADOR	240

DNA BARCODING CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS NA ICTIOFAUNA DO RIO TURIUAÇU, MARANHÃO/BRASIL

Bruno Rafael da Silva Teixeira

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias-MA.

Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias-MA.

Elmary da Costa Fraga

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA), Departamento de Química e Biologia, Caxias-MA.

RESUMO: Os peixes Neotropicais compõem a ictiofauna de água doce mais rica e diversificada do mundo, mais grande parte dessa ictiofauna permanece inexplorada, no Estado do Maranhão, a bacia do rio Turiaçu apresenta-se como exemplo de um ecossistema a ser estudado com relação a sua biodiversidade ictiofaunística. Com isso a implementação da técnica DNA barcode constitui uma importante ferramenta que contribuirá na identificação dos peixes dessa bacia e possibilitará uma melhor compreensão da taxonomia ictiofaunística, fornecendo informações que poderão subsidiar programas de manejo, conservação e preservação. A identificação taxonômica foi realizada com o auxílio de literatura específica. O DNA total desses espécimes foi extraído

usando o kit da Promega. A partir do qual amplificando o gene COI através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase. Os produtos das PCRs foram purificados e sequenciados em sequenciador automático de DNA. Obteve-se 124 sequencias, correspondendo a 30 espécies, 26 gêneros, 16 famílias e seis ordens, que constituíram-se de um fragmento de 656 pb do gene COI, apresentando 340 sítios conservados e 316 variáveis. A árvore filogenética revelou a formação de clados fortemente suportados, exceto para as espécies *Leporinus* sp. e *Crenichichla* sp. Os espécimes identificados morfologicamente em nível genérico quando submetidos a identificação molecular na plataforma BOLD Systems, obteve-se seus níveis específicos com índice de similaridade superior a 97% exceto para *Rhamphichthys* sp. e *Pimelodella* sp. As espécies *Triporthes trifurcatus*, *Shizodon fasciatus*, *Serrasalmus eigenmanni* e *Loricaria cataphracta* se caracterizaram como novos registros para o Maranhão.

PALAVRAS-CHAVE: Peixes, DNA mitocondrial, COI.

ABSTRACT: The fish neotropical up the fish fauna of the richest and diverse freshwater in the world, most of this fish fauna remains unexplored, the Maranhão Basin Turiaçu river is presented as an example of an ecosystem to

be studied in relation to fish populations and biodiversity. Thus, the implementation of the DNA barcode is an important tool which will help the fish bowl identification and provide a better understanding of the fish fauna and their taxonomy, providing information that may assist management programs, conservation and preservation. The taxonomic identification was performed with the aid of specific literature. Total DNA was extracted from these samples using the kit from Promega. From which the COI gene amplification by polymerase chain reaction technique. The products of the PCR reactions were purified and sequenced on an automated DNA sequencer. 124 sequences were obtained, representing 30 species, 26 genera and 16 families six orders, which consisted of a 656 bp fragment of the gene COI, 340 and 316 stored local variables. The phylogenetic tree revealed the formation of strongly supported clades, except for the species *Leporinus* sp. and *Crenichichla* sp. they formed. The specimens morphologically identified in generic level when subjected to molecular identification in BOLD Systems platform has its specific levels more than 97% similarity index, except for *Rhamphichthys* sp. and *Pimelodella* sp. The species *trifurcatus* *Triportheus*, *Shizodon fasciatus*, *eigenmanni* *Serrasalmus* and *Loricaria cataphracta* were characterized as new records for Maranhao.

KEYWORDS: Fish, mitochondrial DNA, COI.

1 | INTRODUÇÃO

1.1 Aspectos Gerais da Ictiofauna

Os peixes são representantes da maioria dos vertebrados, englobando cerca de 28.000 espécies e distribuído nos mais diversos ambientes aquáticos. Sua maioria são de espécies marinhas, com grande número desses vivendo em águas tropicais (NELSON, 2006). Os peixes Neotropicais de água doce são os mais diversificados do mundo, onde seus principais representantes são os Characiformes, Siluriformes, Gymnotiformes, Cyprinodontiformes e Perciformes (LUNDBERG et al., 2000).

A ictiofauna de água doce da América do Sul é a mais rica de todo o planeta, compreendendo cerca de 6.000 espécies conhecidas, mas com uma riqueza que pode chegar até em 8.000 espécies, sendo que devido a reduzida variabilidade morfológica destas espécies, torna difícil a compreensão dos processos que originaram suas diferenciações (SCHAEFER 1998; REIS et al., 2003; TURNER et al., 2004).

O sistema hidrológico brasileiro abriga grande parte dessa fauna de peixes, aproximadamente 4.100 espécies, sendo que são 2.800 continentais e 1.300 marinhos (LEWINSOHN; PRADO, 2005). No entanto, deve-se ressaltar que esse número tende a aumentar, pois muitas áreas permanecem inexploradas e com isso as amostragens das espécies são muito pequenas (LANGEANI et al., 2007; JUNK, 2007). No Estado do Maranhão, a bacia do rio Turiaçu apresenta-se como exemplo de um ecossistema a ser estudado com relação a sua biodiversidade ictiofaunística. A realização de um estudo na bacia do Rio Turiaçu, ampliará o conhecimento da fauna de peixes desta

bacia, assim como fornecerá informações genéticas que possam contribuir com a identificação dos peixes em nível específico, além de detectar possíveis ocorrências de novas espécies. Uma vez que este é o primeiro estudo ictiofaunístico desta bacia.

1.2 Identificação Molecular de Espécies

Historicamente os dados morfológicos foram os primeiros a serem utilizados na identificação de espécies, com isso se desenvolveu novos métodos de estudos, essas novas metodologias foram se tornando disponíveis para a compreensão da biodiversidade. Mas diante da necessidade de se padronizar a identificação em grande escala de todas as formas de vida na terra. Hebert et al. (2003) propuseram a utilização de sequências de DNA como um identificador genético denominado DNA barcode ou código de barras de DNA. Essa abordagem tem como premissa o fato de que toda espécie possui um “código de barras único” e que a variação interespecífica é bem mais elevada que a intraespecífica.

Neste cenário a utilização do DNA barcode objetiva: proporcionar a identificação molecular de espécies já descritas, por meio de comparação com sequências disponíveis no banco de referências de DNA barcode – BOLD Systems e potencializar a descoberta de novas espécies e facilitar sua identificação, particularmente em organismos crípticos, microscópicos ou que apresentam morfologia complexa ou inacessível (MAIA; ALVES-GOMES, 2012). A utilização desse sistema contribuirá na identificação dos peixes da bacia do Turiaçu e possibilitará uma melhor compreensão da taxonomia ictiofaunística dessa bacia fornecendo informações que poderão subsidiar programas de manejo, conservação e preservação.

2 | MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Áreas de Estudo e Obtenção das Amostras

As coletas foram realizadas e autorizadas pelo Instituto Chico Mendes ICMBio/MMA nº 46367-1/2014, na bacia do rio Turiaçu na Cidade de Santa Helena, entre as coordenadas: 02°15'869" S e 45°19'365" W.

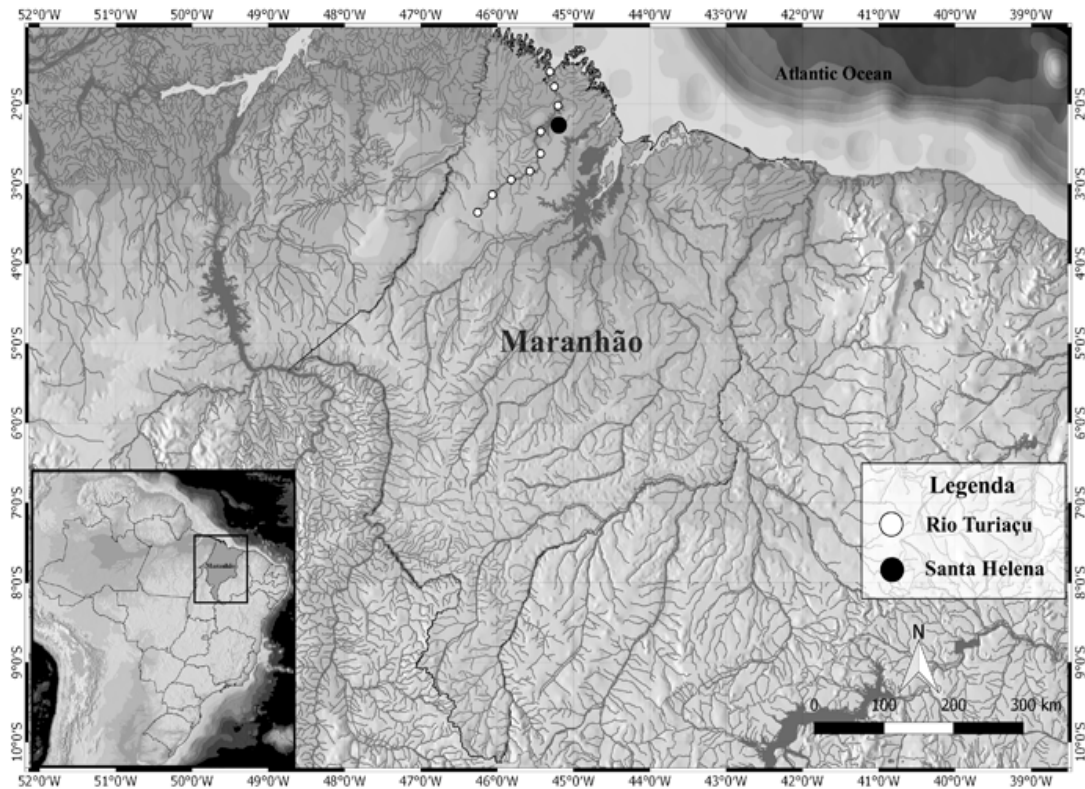


Figura 1. Mapa da Bacia do rio Turiaçu, Maranhão. Elaborado pelo autor, programa Quantum GIS 2.6.0

Para as coletas foram utilizados apetrechos de pesca como redes de arrasto, malhadeiras de vários milímetros e tarrafas. A identificação taxonômica foi realizada com o auxílio de literatura específica (BRITSKI et al., 2007; SOARES, 2005) e os espécimes foram depositados na coleção do Centro de Estudos Superiores de Caxias da Universidade Estadual do Maranhão CESC/UEMA.

2.2 Procedimentos Genéticos

O DNA total foi extraído usando o kit Promega seguindo as instruções do fabricante. O isolamento e amplificação do gene COI a partir do DNA total foi realizado através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando *primers* universais (WARD et al., 2005). Os produtos das PCRs purificados com o KIT ExoSap IT foram submetidos à reação de sequenciamento de DNA utilizando o método Didesoxiterminal (SANGER et al., 1977), após a reação de sequência, as amostras foram precipitadas para a retirada do excesso de reagentes não incorporados e em seguida foram submetidas ao sequenciador automático de DNA.

2.3 Análises dos Dados

As sequências de DNA foram editadas e alinhadas no Clustal W (THOMPSON et al., 1994) do programa BioEdit 7.0 (HALL, 1999). A composição nucleotídica, matriz de distância genética e análises filogenéticas, foram geradas no programa MEGA 6.0

(TAMURA et al., 2013) utilizando-se o método de agrupamento de vizinhos (SAITOU; NEI, 1987) utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros (K2P). A significância dos agrupamentos foi estimada pela análise de *bootstrap* (1000 réplicas) (FELSENSTEIN, 1985). A saturação dos dados foi estimada utilizando o programa DAMBE 5.3.110 (XIA; XIE, 2001). A identificação molecular a partir do gene COI foi realizada por comparação das sequências obtidas com dados disponíveis na plataforma bioinformática BOLD Systems (*Barcode of Life Data Systems*) (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007).

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise do Fragmento e Composição Nucleotídica

Foram obtidas 124 sequências, correspondendo a 30 espécies, 26 gêneros, 16 famílias e seis ordens (Tabela 1). As ordens Characiformes e Siluriformes apresentaram um maior número de espécies, Gymnotiforme apresentou duas espécies e as ordens Elopiformes, Clupeiformes e Perciformes foram representadas por uma espécie cada.

Ordem	Família	Gênero	Espécie	N	
Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias</i>	<i>Hoplias malabaricus</i> (Bloch, 1794)	9	
		Characidae	<i>Serrasalmus</i>	<i>Serrasalmus</i> sp. (Lacepède, 1803)	6
			<i>Serrasalmus rhombeus</i> (Linnaeus, 1766)	12	
	<i>Triportheus</i>		<i>Triportheus</i> sp. (Cope, 1872)	4	
	<i>Mylossoma</i>		<i>Mylossoma</i> sp. (Eigenmann, 1903)	5	
	<i>Tetragonopterus</i>		<i>Tetragonopterus</i> sp. (G. Cuvier, 1816)	5	
	Anostomidae		<i>Leporinus</i>	<i>Leporinus</i> sp. (Agassiz, 1829)	6
			<i>Schizodon</i>	<i>Schizodon</i> sp. (Spix & Agassiz, 1829)	5
	Prochilodontidae		<i>Prochilodus</i>	<i>Prochilodus</i> sp. (Spix & Agassiz, 1829)	9
	Curimatidae	<i>Curimata</i>	<i>Curimata cyprinoides</i> (Linnaeus, 1766)	4	
Hemiodontidae	<i>Hemiodus</i>	<i>Hemiodus</i> sp. (J. P. Müller, 1842)	3		
		<i>Hemiodus argenteus</i> (Pellegrin, 1909)	1		
	Acestrorhynchidae	<i>Acestrorhynchus</i>	<i>Acestrorhynchus</i> sp. (C. H. Eigenmann & C. H. Kennedy, 1903)	6	
Elopiformes	Megalopidae	<i>Megalops</i>	<i>Megalops atlanticus</i> (Valenciennes, 1847)	1	
Clupeiformes	Engraulidae	<i>Pterengraulis</i>	<i>Pterengraulis atherinoides</i> (Linnaeus, 1766)	1	

Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus</i>	<i>Trachelyopterus</i> sp. (Valenciennes, 1840)	5
	Pimelodidae	<i>Pimelodus</i>	<i>Pimelodus ornatus</i> (Kner, 1858)	3
			<i>Pimelodus blochii</i> (Valenciennes, 1840)	1
			<i>Pimelodus</i> sp. (Lacépède, 1803)	5
		<i>Hemisorubim</i>	<i>Hemisorubim platyrhynchus</i> (Valenciennes, 1840)	3
		<i>Pseudoplatystoma</i>	<i>Pseudoplatystoma fasciatum</i> (Linnaeus, 1766)	6
	Heptapteridae	<i>Pimelodella</i>	<i>Pimelodella</i> sp. (Müller & Troschel, 1848)	3
	Doradidae	<i>Platydoras</i>	<i>Platydoras brachylecis</i> (Piorski, Garavello, Arce H. & Sabaj Pérez, 2008)	3
		<i>Hassar</i>	<i>Hassar affinis</i> (Steindachner, 1881)	3
	Loricariidae	<i>Hypostomus</i>	<i>Hypostomus plecostomus</i> (Linnaeus, 1758)	3
		<i>Loricaria</i>	<i>Loricaria</i> sp. (Linnaeus, 1758)	2
		<i>Loricariichthys</i>	<i>Loricariichthys</i> sp. (Bleeker, 1862)	3
	Perciformes		<i>Crenicichla</i>	<i>Crenicichla</i> sp. (Heckel, 1840)
Gymnotiforme	Sternopygidae	<i>Sternopygus</i>	<i>Sternopygus macrurus</i> (J. P. Müller & Troschel, 1849)	1
	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys</i>	<i>Rhamphichthys</i> sp. (J. P. Müller & Troschel, 1846)	1
6	16	26	30	124

Tabela 1 – Espécies de peixes do rio Turiaçu/MA analisadas neste estudo por meio do gene mitocondrial COI. N = Número Amostral.

As sequências obtidas, constituíram-se de um fragmento de 656 pares de base (pb) do gene COI. Na análise para esse fragmento, verificou-se que 340 sítios foram conservados e 316 variáveis. A composição nucleotídica foi de 28,8% para timina; 28,4% citosina; 25,1% adenina e 17,7% guanina. Valores similares foram encontrados por Henriques (2010), em seu estudo com peixes do rio Ribeira de Iguape, onde obteve uma média de 29,7% para timina, 27,9% para citosina, 24,22% para adenina e 18,17% para guanina.

3.2 Relações Filogenéticas e Divergência Genética

A árvore filogenética baseada no método de agrupamento de vizinhos (NJ), modelo Kimura-2-Parâmetros (K2P), revelou a formação de clados fortemente suportados com 100% de *bootstrap*, agrupando os espécimes identificados como coespecíficos em conjuntos coerentes (Figura 2).

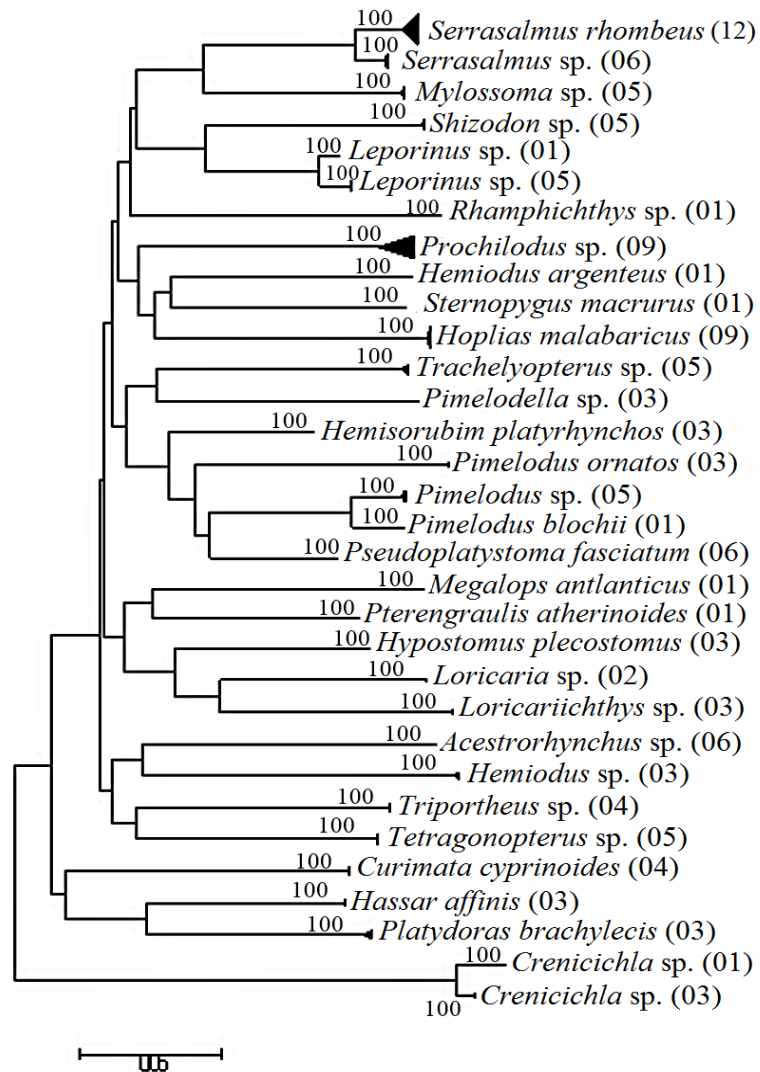


Figura 2 – Árvore filogenética obtida por abordagem de agrupamento de vizinhos (NJ) utilizando o modelo K2P baseada em sequências do gene COI. Os números dos nós representam os valores de bootstrap (1000 réplicas); valores entre parênteses (número de espécimes analisados).

No entanto, para as espécies *Leporinus* sp. e *Crenicichla* sp. foi observado a formação de subclados, sugerindo a existência de diferenciação genética dentro destas espécies na bacia do rio Turiaçu (Figura 3).

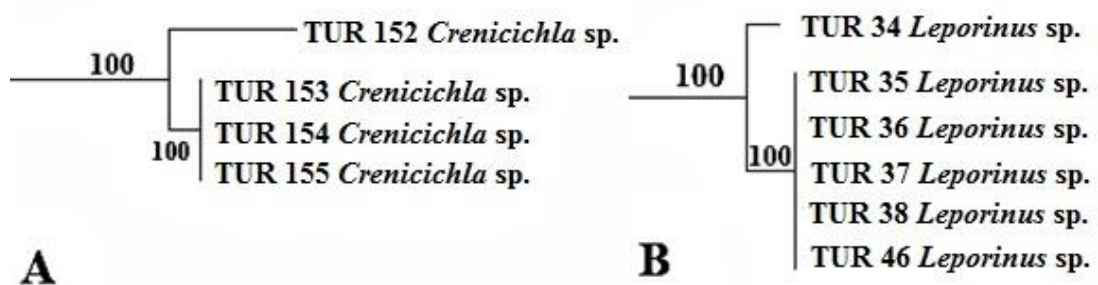


Figura 3 - Dendrograma de Neighbor-Joining com 1000 réplicas de bootstrap de espécies que mesmo apresentando média de distância genética intraespecífica (Kimura 2 Parâmetros) inferior a 2% apresentaram a formação de subclados. A - *Crenicichla* sp. e B - *Leporinus* sp.

As médias de divergências genéticas interespecíficas variaram de 2,9% a 36,1%,

a menor foi observada entre as espécies *Serrasalmus rhombeus* e *Serrasalmus* sp. pertencentes ao mesmo gênero, e a maior divergência ocorreu entre as espécies *Rhamphichthys* sp. e *Crenicichla* sp. pertencentes as ordens Gymnotiformes e Perciformes, respectivamente. As médias intraespecíficas foram obtidas apenas das espécies representadas por mais de um exemplar. Todas as espécies revelaram médias inferiores a 2% exceto *Crenicichla* sp. cuja a divergência entre seus espécimes variou de 0 a 3,9%, com média de 2,3% refletindo o observado na análise de NJ, onde essa espécie apresentou-se dividida em dois grupos. Apesar dos espécimes de *Leporinus* sp. apresentarem a formação de subclados sua média intraespecífica foi menor que 2%.

Segundo Pereira (2011) as espécies que apresentarem elevados valores de divergência intraespecífica (>2%) são responsáveis nas maiorias dos casos por elevar o valor médio de divergência genética intraespecífica, uma vez que para o conjunto de espécies analisadas isso pode representar casos onde há profunda estruturação populacional.

3.3 Identificação Molecular (BOLD Systems)

As amostras foram submetidas a comparações de similaridade na plataforma de bioinformática BOLD Systems, para obter a identificação das espécies por meio do DNA *barcode* considerando a divergência de 2 a 3% como valor de corte para delimitação de espécie como é inferido em literatura para peixes neotropicais. Isso significa se a sequência de DNA de um exemplar diferir menos que 3% (ou obter um índice de similaridade superior a 97% no BOLD) da sequência de uma das espécies já conhecidas, ele será identificado como pertencente àquela espécie uma vez que se encontra dentro do parâmetro de 3% (SOLÉ-CAVA; WORHEIDE, 2007; SOLÉ-CAVA, 2008).

A identificação morfológica das espécies *Hoplias malabaricus*, *Serrasalmus rhombeus*, *Megalops atlanticus*, *Pterengraulis atherinoides*, *Pimelodus ornatos*, *Pseudoplatystoma fasciatum*, *Hypostomus plecostomus*, *Sternopygus macrurus*, *Hemisorubim platyrhynchos*, *Pimelodus blochii*, *Platydoras brachylecis* e *Hassar affinis* foram confirmadas com os dados moleculares, considerando um limiar de até 3% de divergência para delimitação de espécies (Tabela 3).

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)
<i>Hoplias malabaricus</i>	<i>Hoplias malabaricus</i>	99,68%
<i>Serrasalmus rhombeus</i>	<i>Serrasalmus rhombeus</i>	99,84%
<i>Megalops atlanticus</i>	<i>Megalops atlanticus</i>	100%
<i>Pterengraulis atherinoides</i>	<i>Pterengraulis atherinoides</i>	98,07%
<i>Pimelodus ornatos</i>	<i>Pimelodus ornatos</i>	98,23%
<i>Pseudoplatystoma fasciatum</i>	<i>Pseudoplatystoma fasciatum</i>	100%

<i>Hypostomus cf. plecostomus</i>	<i>Hypostomus plecostomus</i>	98,36%
<i>Sternopygus macrurus</i>	<i>Sternopygus macrurus</i>	98,32%
<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	<i>Hemisorubim platyrhynchos</i>	98,37%
<i>Pimelodus blochii</i>	<i>Pimelodus blochii</i>	97,30%
<i>Platydoras brachylecis</i>	<i>Platydoras brachylecis</i>	99,68%
<i>Hassar affinis</i>	<i>Hassar affinis</i>	99,81%

Tabela 3. Percentual de similaridade obtido por meio de comparações das sequências de COI no BOLD Systems para as espécies de peixes identificadas morfologicamente e que foram confirmadas com os dados moleculares.

Na identificação das espécies *Hemiodus* sp., *Hemiodus argenteuse* e *Loricariichthys* sp. observou-se que os valores encontrados para essas espécies foram abaixo de 97% estando fora do padrão para a utilização com DNA *barcode*.

No entanto, algumas espécies identificadas morfologicamente em nível genérico quando comparadas com amostras da plataforma constatou-se os resultados observados na tabela 4.

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)
<i>Acestrorhynchus</i> sp.	<i>Acestrorhynchus falcatus</i>	99,45%
<i>Triportheus</i> sp.	<i>Triportheus trifurcatus</i>	99,67%
<i>Shizodon</i> sp.	<i>Shizodon fasciatus</i>	99,49%
<i>Serrasalmus</i> sp.	<i>Serrasalmus eigenmanni</i>	99,68%
<i>Tetragonopterus</i> sp.	<i>Tetragonopterus argenteus</i>	100%
<i>Mylossoma</i> sp.	<i>Metynniss maculatus</i>	100%
<i>Prochilodus</i> sp.	<i>Prochilodus lacustres</i>	100%
<i>Pimelodus</i> sp.	<i>Pimelodus maculatus</i>	99,84%
<i>Trachelyopterus</i> sp.	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	99,84%
<i>Loricaria</i> sp.	<i>Loricaria cataphracta</i>	97,18%
<i>Crenicichla</i> sp.	<i>Crenicichla menezesi</i>	99,48%

Tabela 4. Percentual de similaridade obtido por meio de comparações das sequências de COI no BOLD Systems para algumas espécies de peixes do rio Turiaçu.

A espécie *Acestrorhynchus* sp. apresentou similaridade consistente com *Acestrorhynchus cf. falcatus*. Esta espécie já foi registrada no estudo realizado por Ramos et al. (2014) para a bacia do rio Parnaíba.

As espécies *Triportheus* sp., *Shizodon* sp., *Serrasalmus* sp. e *Loricaria* sp. quando submetidas a identificação molecular verificou-se como sendo *Triportheus trifurcatus*, *Shizodon fasciatus*, *Serrasalmus eigenmanni* e *Loricaria cataphracta* respectivamente. Com base em estudos anteriores sabe-se que não há registros das mesmas em bacias

Maranhenses (BARROS et al., 2011; RAMOS et al., 2014).

Suas ocorrências são registradas em algumas das bacias hidrográficas amazônicas, a espécie *Triportheus trifurcatus* tem sua distribuição nas bacias Tocantins - Araguaia, *Shizodon fasciatus* tem sua distribuição no alto rio Amazonas e bacias costeiras da Guiana Francesa, a espécie *Serrasalmus eigenmanni* se distribui pelo rio Amazonas bacias Norte e Leste e rios da Guiana e pôr fim a *Loricaria cataphracta* na bacia do rio Amazonas e rios costeiros das Guianas (FISHBASE, 2016). Tendo em vista que a bacia do rio Turiaçu possui características amazônicas (PIORSKI, 2010), e que esse rio recebe influência das marés e braços dos rios amazônicos, infere-se que este seja o provável fator que pode associado a migração destas espécies de peixes características das bacias amazônica. Portanto, a ocorrência dessas espécies para o rio Turiaçu, constituem-se em novos registros confirmados através da análise do DNA *barcoding*.

Os exemplares identificados morfologicamente como *Tetragonopterus* sp. e *Mylossoma* sp. apresentaram similaridade de 100% com *Tetragonopterus argenteus* e *Metynnis maculatus* respectivamente, *Tetragonopterus argenteus* foi registrada para a bacia do rio Parnaíba (RAMOS et al., 2014) e *Metynnis maculatus* foi registrada para a Bacia Itapecuru em nível genérico por Barros et al. (2011) e teve confirmação em nível específico por Nascimento (2015).

A espécie *Prochilodus* sp. quando submetida a identificação molecular verificou-se similaridade de 100% com *Prochilodus lacustris* corroborando Piorski (2010) para as bacias maranhenses onde se observou a distribuição dessa espécie para as bacias do Turiaçu, Parnaíba, Itapecuru, Mearim e Pindaré.

As espécies *Pimelodus* sp. e *Trachelyopterus* sp. foram identificadas molecularmente como *Pimelodus maculatus* e *Trachelyopterus galeatus* respectivamente. Essas espécies também ocorrem para a bacia do rio Parnaíba (RAMOS et al., 2014).

A espécie *Crenicichla* sp. foi identificada molecularmente com *Crenicichla menezesi*. Esta já foi registrada para as bacias do rio Parnaíba e rio Itapecuru, sendo uma espécie endêmica do Nordeste do Brasil (BARROS et al., 2011; RAMOS et al., 2014).

Os espécimes de *Leporinus* sp. apresentaram similaridade consistente com três espécies do mesmo gênero (Tabela 5). Cinco espécimes apresentaram similaridade de 99,04% para *Leporinus* sp10 e 98,56% para *Leporinus friderici* e um espécime ficou identificado como *Leporinus piau*. Nos Trabalhos de Fraga et al. (2014) e Aragão (2015) com *Leporinus* de bacias maranhenses foram observados resultados similares, mostrando um processo de diferenciação genética neste táxon.

Nossos resultados permitem inferir quanto à divergência existente na identificação morfológica e molecular, reforçando a problemática taxonômica de *Leporinus piau*, já que a espécie possui taxonomia complexa, possivelmente por conter caracteres morfológicos bastante similares com outras espécies do gênero. Contudo, de acordo com Henriques (2010) a resolução de problemas relacionados a identificação de uma

espécie exige uma cuidadosa análise morfológica de taxonomistas especialistas antes que quaisquer recomendações finais possam ser feitas. Sendo assim, as análises de DNA *barcode* e a análise morfológica devem caminhar juntas na resolução desta problemática.

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)
<i>Leporinus</i> sp.	<i>Leporinus</i> sp10	99,04%
	<i>Leporinus friderici</i>	98,56%
<i>Leporinus</i> sp.	<i>Leporinus piau</i>	98,49%

Tabela 5. Percentual de similaridade obtido por meio de comparações das sequências de COI no BOLD Systems para as espécies de *Leporinus* sp. do rio Turiaçu.

A identificação morfológica de *Curimata cyprinoides* divergiu da molecular que evidenciou tratar-se de *Psectrogaster rhomboides* com similaridade de 97,10%. A identificação errônea desta espécie pode estar relacionada ao fato de ambas apresentarem grandes semelhanças morfológicas dificultando muitas vezes a correta identificação baseada apenas em morfologia. Em estudos de Barros et al. (2011) e Ramos et al. (2014), foi confirmado a ocorrência de *Curimata cyprinoides* e *Psectrogaster rhomboides* nas bacias do Itapecuru e Parnaíba.

As espécies identificadas morfológicamente como *Rhamphichthys* sp. e *Pimelodella* sp. quando submetidas a identificação molecular confirmou-se apenas seus níveis genérico com similaridade de 98,41% e 97,2% respectivamente, estas espécies foram as únicas que não se obteve os seus níveis específicos. Os gêneros *Rhamphichthys* e *Pimelodella* já foram registrados em bacias maranhenses em estudos realizados por Barros et al. (2011) e Ramos et al. (2014), não descartando a ocorrência de espécie desse gênero para a bacia do Turiaçu.

Neste estudo, a utilização do gene COI como código de barras de DNA para os peixes do rio Turiaçu mostrou-se eficaz, pois das 30 espécies analisadas 90% (27 espécies) apresentaram medias de divergências intraespecíficas inferiores a 3%. Portanto, o uso desta robusta metodologia gerou os primeiros códigos de barra para os peixes da bacia do rio Turiaçu.

4 | CONCLUSÃO

O código de barras de DNA foi eficiente para a identificação das espécies de peixes do Rio Turiaçu, identificando e confirmando 90% das espécies analisadas. As espécies identificadas morfológicamente em nível genérico, foram identificadas a nível específico como *Triportheus trifurcatus*, *Shizodon fasciatus*, *Serrasalmus eigenmanni*, *Tetragonopterus argenteus*, *Metynnis maculatus*, *Prochilodus lacustres*, *Pimelodus maculatus*, *Trachelyopterus galeatus*, *Loricaria cataphracta* e *Crenichichla menezesi*. As espécies *Triportheus trifurcatus*, *Shizodon fasciatus*, *Serrasalmus eigenmanni* e

Loricaria cataphracta se caracterizaram como novos registros para o Maranhão. Os resultados indicam que a espécie *Leporinus* sp. precisa ser melhor investigada.

REFERÊNCIAS

- ARAGÃO, D. G. **Identificação molecular (DNA barcode) e variabilidade genética em *Leporinus piau* (Characiformes: Anostomidae) de bacias hidrográficas do estado do Maranhão, Brasil.** UEMA, 2015. Dissertação 51f (Mestrado em Conservação e reprodução Animal). Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, da Universidade Estadual do Maranhão, São Luis. 2015.
- BARROS, M. C.; FRAGA, E. C.; BIRINDELLI, J. L. **Fishes from the itapecuru river basin, state of Maranhão, Northeast Brazil.** Brazilian Journal of Biology (Impresso)., v.71, p.In Press - . 2011.
- BRITSKI, H. A.; SILIMON, K. Z. S.; LOPES, B. S. **Peixes do Pantanal. Manual de identificação.** – 2. ed. rev. ampl. – Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológicas, 227p, 2007.
- FELSENSTEIN, J. **Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap.** *Evolution*, v. 39, n. 4, p. 783-791, 1985.
- FRAGA, E.; SILVA, L.M.M.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I.; BARROS, M.C. **Variabilidade genética em populações naturais de *Leporinus piau* (Anostomidae, Characiformes) da bacia do Rio Itapecuru.** Revista Trópica, p.28-40, v.8, n. 2, 2014.
- FROESE, R.; PAULY, D. (eds.) 2016. **FishBase, World Wide Web electronic publication.** Disponível em [http: < www.fishbase.com >](http://www.fishbase.com), version (01/2016). Consulta em Janeiro de 2016.
- HALL, T. A. **BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT.** Nucleic Acids Symposium. Ser. v. 41, p. 95-98, 1999.
- HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; de WAARD, J. R. **Biological identification through DNA barcode.** Proceedings of the Royal Society B. Biological Sciences, London, v. 270, n. 15, p. 313-321, fev. 2003
- HENRIQUES, J. M. **Identificação molecular (DNA barcode) dos peixes da bacia do rio ribeira de Iguape e dos rios costeiros do estado de São Paulo.** 2010. 117f. Tese (Ciências Biológicas Zoologia) – Universidade Estadual de São Paulo, Botucatu, São Paulo, 2010.
- JUNK, W. **Freshwater fishes of South America: Their biodiversity, fisheries, and habitats – a synthesis.** Aquatic Ecosystem & Management v. 10, n. 2, p. 228-242, 2007.
- LANGEANI, F.; CASTRO, R. M. C.; OYAKAWA, O. T.; SHIBATTA, O. A.; PAVANELLI, C. S.; CASATTI, L. **Diversidade da ictiofauna do Alto Rio Paraná: composição atual e perspectivas futuras.** Biota Neotropica, v. 7, n. 3, p. 181-197, 2007.
- LEWINSOHN, T.M. & PRADO, P.I.; **Quantas espécies há no Brasil? Megadiversidade.** v. 1, n. 1, p. 36-42, 2005.
- LUNDBERG, J.G.; KOTTELAT, M.; SMITH, G.R.; STIASSNY, M.L.J.: **So many fishes, so little time: na overview of recente ichthyological Discovery in continental Waters.** Ann Mo Bot Gard. v. 87, p. 26-62, 2000.
- MAIA, C. R.; GOMES, J. A. A. **Utilização do código de barras de DNA na estimativa da diversidade de peixes elétricos do gênero *Microsternarchus* (ostariophysi: gymnotiformes) na Bacia do rio Negro, Amazonas.** INPA, 2012.
- NASCIMENTO, M. H. S.: **Código de barras (DNA barcode) da ictiofauna do rio itapecuru, Maranhão.** UEMA, 2015. Dissertação (Mestrado em Conservação e reprodução Animal). Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, da Universidade Estadual do Maranhão, São Luis. 2015.
- NELSON, J. S. **Fishes of the world. 4ª edição.** New York: John Wiley & Sons. 601p. 2006.

- PEREIRA, L. H. G. **Identificação Molecular dos Peixes da Bacia do Alto Rio Paraná**. Botucatu, 2011.
- PIORSKI, N. M. **Diversidade Genética e Filogeografia das Espécies *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) e *Prochilodus lacustres* Steindachner, 1907 no Nordeste do Brasil**. 2010. 152F. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas). Área de concentração: Genética e Evolução – Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2010.
- RAMOS, T. P. A.; RAMOS, R. T. C.; RAMOS, S. A. Q. A. **Ichthyofauna of the Parnaíba river Basin, Northeastern Brazil**. *Biota Neotropica*. v. 14, n. 1, p. 1–8, 2014.
- RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. **BOLD: The Barcode of Life Data System**. *Molecular Ecology Notes*, vol. 7, p. 355 – 364, 2007.
- REIS, R.E., KULLANDER, S.O., FERRARIS, C. **Check List of the Freshwater Fishes of South and Central America (CLOFFSCA)**, EDIPUCRS, Porto Alegre, 729 pp. 2003.
- SAITOU, N.; NEI, M. **The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees**. *Molecular Biology Evolution*, v. 4, p. 406-425, 1987.
- SANGER, F.; NICHLEN, S.; COULSON, A. R. **DNA sequencing with chain termination inhibitors**. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, v. 74, p. 5463-5468, 1977.
- SOARES, E. C. **Peixes do Mearim**. São Luiz: Editora Instituto Geia, 2005.
- SOLÉ-CAVA, A. M.; **Códigos de barra de DNA: o rabo que abana cachorro**. *Ciência Hoje*, v. 41: n. 245, p. 65-67, 2008
- SOLÉ-CAVA, A. M.; WORHEIDE, G. **The perils and merits (or The Good, the Baland the Ugly) of DNA barcode of sponges – a controversial discussion**. *Porifera Research-Biodiversity, Innovation and Sustainability*, v. 28, p. 603-612, 2007.
- SCHAEFER, S.A. **Conflict and resolution: impact of new taxa on phylogenetic studies of neotropical cascudinhos (Siluroidei: Loricariidae)**. In: MALABARBA, L.R., REIS, R.E., VARI, R.P., LUCENA, Z.M.S. & LUCENA, C.A.S. (Eds.). *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. Porto Alegre:EDIPUCRS. p. 375-400. 1998.
- TAMURA, K; STECHER, G; PETERSON, D; FILIPSKI, A and KUMAR, S. **MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0**. *Molecular Biology and Evolution*, v. 30, n. 12, p. 2725-2729, 2013.
- THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G.; GIBONS, T. J. **CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment though sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice**. *Nucleic Acids Research*, v.22, p. 4673-4680, 1994.
- TURNER, T.F.; PHEE, M.V., CAMPBELL, P.; WINEMILLER, K.O. **Phylogeography and interspecific genetic variation of prochilodontid fishes endemic to rivers in North South America**. *Journal of Fish Biology*, n. 64, p. 186-201, 2004.
- WARD, R. D.; ZEMLAK, T. S.; INNES, B. H., LAST, P. R.; HEBERT, P. D. N. **DNA barcode Australia's fish species**. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences*, v. 360, n. 1462, p. 1847-1857, 2005.
- XIA, X.; XIE, Z. **DAMBE: Data Analysis in Molecular Biology and e Evolution**. *J. Hered*, 92: 371-373, 2001.

SOBRE O ORGANIZADOR

Benedito Rodrigues da Silva Neto - Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais. arroz, milho, sorgo, plantas de cobertura e integração lavoura pecuária. E-mail para contato: alan_zuffo@hotmail.com

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-421-4

