

Desafios taxonômicos e delimitação de espécies do gênero *Potamotrygon* (Chondrichthyes: Myliobatiformes): um olhar genético para a Bacia Amazônica

Giovana da Silva Ribeiro¹
Patricia Charvet²
Cláudio Oliveira³
Fausto Foresti⁴
Vanessa Paes da Cruz⁵

RESUMO

As raias de água doce do gênero *Potamotrygon*, são majoritariamente endêmicas dos principais rios da América latina, esse grupo apresenta um desafio taxonômico por sua complexa plasticidade e muitas vezes apresentando sobreposição de caracteres. Marcadores moleculares como ATPase subunidade 6 (ATPase) e citocromo c oxidase subunidade 1 (COI) são usados para a identificação molecular e ajudam a elucidar as relações filogenéticas. Com isso, o objetivo deste trabalho foi realizar a identificação molecular e delimitação de espécies do gênero *Potamotrygon* a fim de entender as relações filogenéticas do grupo. As amostras coletadas em diferentes regiões da bacia Amazônica foram identificadas morfologicamente e depositadas na coleção do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes (LBGP), Unesp - Botucatu (SP), foi realizada a extração de DNA total de 10 espécimes (*P. leopoldi* = 3, *P. orbignyi* = 4, *P. scobina* = 3), as quais foram submetidas a reação em cadeia da polimerase para os genes ATPase e COI e subsequentemente foram sequenciadas pelo método de Sanger. Foram acrescentadas 19 sequências por gene do banco do GenBank. Para a edição das sequências foi usado o programa Geneious v7.1.3, e a árvore filogenética foi realizada através do *software* RAxML v7.2 com 1000 réplicas de bootstrap. A árvore de *Maximum Likelihood* (ML) devolveu a topologia identificando apenas um ramo nos dois genes analisados, assim agrupando todas as três espécies, com as análises de *Assemble Species by Automatic*

¹Doutoranda, Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, giovana.ribeiro@unesp.br;

²Investigadora, Doutora, Universidade Federal do Ceará - UFC, pchalm@gmail.com;

³Professor, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, claudio.oliveira@unesp.br;

⁴Professor, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, f.foresti@unesp.br;

⁵Professora, Doutora, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, vanessa.paes@unesp.br.

Partitioning (ASAP) e *Poisson Tree Processes* (PTP) obtivemos o mesmo resultado. Considerando a possibilidade de que o processo de diversificação provavelmente tenha ocorrido de forma rápida e relativamente recente, esses marcadores não resultam na reconstrução das relações filogenéticas. Portanto, outros genes com maior taxa evolutiva apresentam melhores respostas para entender as relações filogenéticas neste grupo e avaliar a composição e riqueza de espécies contidas neste ecossistema.

Palavras-chave: Delimitação, marcadores moleculares, raias de água doce.