

## Relações Filogenéticas de raias de água doce do gênero *Plesiotrygon* (Chondrichthyes: Myliobatiformes)

Giovana da Silva Ribeiro<sup>1</sup>  
Patricia Charvet<sup>2</sup>  
Cláudio Oliveira<sup>3</sup>  
Fausto Foresti<sup>4</sup>  
Vanessa Paes da Cruz<sup>5</sup>

### RESUMO

A sub-família Potamotrygoninae, é composta por raias de água doce, possui quatro gêneros, *Heliotrygon*, *Paratrygon*, *Plesiotrygon* e *Potamotrygon*, são encontradas em rios da Bacia Amazônica. Houve uma nova descrição de espécie para o gênero *Plesiotrygon*. Para avaliação de relações filogenéticas são usados genes como ATPase subunidade 6 e mais comumente o gene citocromo c subunidade I (COI) é amplamente utilizado para a identificação molecular das espécies utilizando a técnica de DNA *barcoding*. Com isso, o objetivo deste trabalho foi analisar as relações filogenéticas dentro do gênero *Plesiotrygon* realizando análises de identificação molecular e delimitação de espécies. Foi realizada identificação morfológica dos espécimes analisados e depositados na coleção biológica do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes (LBGP), Unesp – Botucatu, a extração de DNA total de três espécimes de *Plesiotrygon iwanae*, 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 cinco sequências para o gene ATPase (*P. nana* = 1, *P. iwamae* = 4) e 10 para o gene COI (*P. nana* = 4, *P. iwamae* = 6) advindas 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. Foi reconstruída pela árvore de *Maximum Likelihood* (ML) apenas um clado, agrupando as duas espécies analisadas e com os dois genes utilizados e as análises de *Assemble Species by Automatic Partitioning* (ASAP) e

<sup>1</sup>Doutoranda, Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, [giovana.ribeiro@unesp.br](mailto:giovana.ribeiro@unesp.br);

<sup>2</sup>Investigadora, Doutora, Universidade Federal do Ceará - UFC, [pchalm@gmail.com](mailto:pchalm@gmail.com);

<sup>3</sup>Professor, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, [claudio.oliveira@unesp.br](mailto:claudio.oliveira@unesp.br);

<sup>4</sup>Professor, Doutor, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, [f.foresti@unesp.br](mailto:f.foresti@unesp.br);

<sup>5</sup>Professora, Doutora, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, [vanessa.paes@unesp.br](mailto:vanessa.paes@unesp.br).

*Poisson Tree Processes* (PTP) corroboram com esses resultados. Isso demonstra a não eficácia desses genes para a resolução taxonômica desses peixes. Dessa maneira será necessário a avaliação com outras regiões gênicas a fim de entender mais sobre esse gênero e assim aumentando o conhecimento sobre a diversidade contida em nossa fauna.

**Palavras-chave:** Bacia amazônica, fauna brasileira, relações filogenéticas.