

## DNA-barcoding dos peixes do Parque Nacional dos Lençóis Maranhenses e arredores, Nordeste do Brasil

James R. Garcia-Ayala<sup>1</sup>  
Lucas de Oliveira Vieira<sup>2</sup>  
Mariana Kuranaka<sup>3</sup>  
Felipe Polivanov Ottoni<sup>4</sup>  
Cláudio de Oliveira<sup>5</sup>

### RESUMO

O Parque Nacional dos Lençóis Maranhenses (PNLM), na zona costeira do nordeste do Maranhão é um ecossistema único no país. Por esse motivo, o objetivo de nosso trabalho é realizar o primeiro guia de identificação molecular pela técnica de DNA-barcoding, com a finalidade de compreender a diversidade de peixes do PNLM. Foram realizadas expedições de coletas entre 2016 a 2024 com mais de 6.000 indivíduos coletados distribuídos em 10 ordens. O DNA foi extraído utilizando kit de extração, onde o gene Mitocondrial Citocromo c Oxidase subunidade I (COI) foi extraído. 81 sequências, foram geradas com cerca de 590 pares de bases. Posteriormente, foi conduzida uma análise filogenética de Inferência Bayesiana (IB) no programa MrBayes 3.2, incluindo todos os 81 haplótipos. Além disso, foram aplicados dois métodos de delimitação de espécies baseados em coalescência: “General Mixed Yule Coalescent” (GMYC) e “Bayesian implementation of the Poisson tree processes” (bPTP). Para esses métodos de delimitação, a matriz original foi reduzida para incluir apenas um único exemplar por haplótipo, evitando inclusão de haplótipos idênticos nessas análises. Para o GMYC, foi gerada uma nova análise filogenética por IB a partir da matriz reduzida, gerando uma árvore filogenética ultramétrica no programa BEAST versão 2.7.7, que serviu como árvore de “input”. Já para o bPTP, foi realizada uma nova análise filogenética por IB, a partir dessa mesma matriz reduzida, no MrBayes 3.2, que também serviu como árvore de “input”, uma vez que o método não requer uma árvore ultramétrica. Tanto o GMYC e o bPTP apresentaram resultados idênticos, delimitando 39 linhagens, todas congruentes com a topologia da análise

<sup>1</sup> Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Setor de Morfologia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP-Botucatu, [james.ayala@unesp.com](mailto:james.ayala@unesp.com);

<sup>2</sup> Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia - Rede BIONORTE da Universidade Federal do Maranhão - UFMA, [lucasolivier070@gmail.com](mailto:lucasolivier070@gmail.com);

<sup>3</sup> Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Setor de Morfologia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP-Botucatu, [mariana.kuranaka@unesp.br](mailto:mariana.kuranaka@unesp.br);

<sup>4</sup> Laboratório de Sistemática e Ecologia de Organismos Aquáticos - LASEOA da Universidade Federal do Maranhão - UFMA-Chapadinha, [fpottoni@gmail.com](mailto:fpottoni@gmail.com);

<sup>5</sup> Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Setor de Morfologia da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP-Botucatu, [claudio.oliveira@unesp.br](mailto:claudio.oliveira@unesp.br).

filogenética que inclui todos os 81 haplótipos. Das 39 linhagens, 26 foram identificadas a nível de espécie, 11 a nível de gênero, e duas possuem identificação ainda inconclusiva. Esses resultados ainda são preliminares necessitando de mais sequências de COI.

**Palavras-chave:** bPTP; COI; DNA barcoding; GMYC; Ictiofauna