

Título - *Title*

**DIVERSIDADE DA FAUNA ICTIOLÓGICA DOS IGARAPÉS DA BACIA DO RIO MADEIRA ATRAVÉS DA FERRAMENTA BIOTECNOLÓGICA DO CÓDIGO DE BARRAS**

Autores, filiação, e-mail – *Authors, filiation, e-mail*

Bruna Soares<sup>1,2\*</sup>, Christian Andreas Cramer<sup>1</sup>, Izeni Pires Farias<sup>3</sup>, Tomas Hrbek<sup>3</sup>, Rubiani de Cassia Pagotto<sup>2</sup>, Carolina Rodrigues da Costa Doria<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratório de Ictiologia e Pesca – UNIR; <sup>2</sup>CIBEB – UNIR; <sup>3</sup>Laboratório de Evolução e Genética Animal – UFAM; \*[brunaassoares@hotmail.com](mailto:brunaassoares@hotmail.com)

Resumo - *Abstract*

O rio Madeira é um dos principais afluentes do rio Amazonas. Em levantamento atual foram registradas mais que 950 espécies de peixes para a sua bacia, pelo menos 40 destas ainda não descritas cientificamente. Esta vasta biodiversidade muitas vezes torna difícil a identificação de um indivíduo. A identidade taxonômica correta de uma espécie é fundamental para obtenção de resultados concretos em estudos ecológicos. A forma tradicional de determinação de uma espécie é por caracteres morfológicos, mas com o desenvolvimento de técnicas de biologia molecular estabeleceu-se mais uma forma de identificação: a identificação pelo Código de Barras da Vida (BARCODE). O projeto do Código de Barras da Vida de Peixes (FISH-BOL) é um esforço global para a montagem de uma biblioteca de referência padronizada de sequências da subunidade 1 do gene Citocromo c Oxidase (COI) para todas as espécies de peixes, sempre tendo espécimes voucher com identificação taxonômica atualizada. Os benefícios do código de barras de peixes incluem: facilitar a identificação de espécies para todos os usuários potenciais, incluindo taxonomistas; detectar espécies crípticas, sinalizar espécies previamente desconhecidas e, talvez o mais importante, permitir a identificação quando o método tradicional é insuficiente. Dessa forma, o objetivo do nosso trabalho foi sequenciar 30 espécies descritas (das ordens Characiformes, Gymnotiformes, Perciformes e Siluriformes, representando 14 famílias e 25 gêneros) e mais abundantes da Estação Ecológica de Cuniã para análise do gene COI. Para cada espécie foram selecionados cinco exemplares distribuídos pelos igarapés. Contribuindo desta forma no objetivo de sequenciar metade das espécies de peixes brasileiras até 2014. A variabilidade das sequências dentro e entre espécies, gêneros, famílias e ordens está sendo avaliada e comparada com resultados de outros autores com o objetivo de futuramente poder ajudar na inferência destas classificações utilizando o Barcode.

Apoio - *Sponsor*

PPBio, UNIR/IEPAGRO - Santo Antônio Energia, FISH-BOL Brasil

Realização

