



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	Utilização de DNA Barcoding para a identificação de mamíferos aquáticos registrados em águas brasileiras
Autor	JÉSSICA SARTOR
Orientador	LARISSA ROSA DE OLIVEIRA
Instituição	UNISINOS - Universidade do Vale do Rio dos Sinos

Utilização de DNA Barcoding para a identificação de mamíferos aquáticos registrados em águas brasileiras

Autor: Jéssica Sartor¹

Orientador: Larissa Rosa de Oliveira^{1,2}

¹Universidade do Vale do Rio do Sinos - UNISINOS

²Grupo de estudos de mamíferos aquáticos - GEMARS

A proposta de identificação padronizada de diferentes taxa da fauna e flora da Terra, utilizando sequências de DNA foi denominada “código de barras de DNA” (DNA Barcoding). Esta iniciativa visa tanto facilitar o descobrimento de novas espécies quanto permitir uma segura identificação de exemplares coletados, a partir de um marcador molecular. Para tanto, o segmento de DNA inicialmente escolhido corresponde a uma região de 648 pb do gene mitocondrial Citocromo C Oxidase Subunidade I (COI). Ao buscar a correta identificação específica de mamíferos aquáticos, os quais são frequentemente encontrados em avançado estado de decomposição na costa, o DNA Barcoding torna-se uma ferramenta de grande valia. Neste contexto, o presente trabalho, desenvolvido em colaboração com 13 instituições brasileiras, teve como objetivo a geração de sequências de DNA da região padronizada do gene COI de mamíferos aquáticos registrados em águas brasileiras, com o intuito de disponibilizar estas informações nos bancos de dados do BOLDSYSTEMS (<http://www.barcodinglife.com>) e da rede brasileira de DNA Barcodes (<http://www.brbol.org/>). O DNA genômico de cada amostra foi extraído, amplificado (utilizando três pares de primers para a região COI do mtDNA) e sequenciado. Cada amostra possui o espécime voucher depositado na sua instituição de origem. Como resultado, até o momento, foram obtidas 128 sequências, contemplando 32 taxa: *Megaptera novaeangliae* (n=9), *Balaenoptera acutorostrata* (n=1), *B. bonaerensis* (n=1), *B. brydei* (n=3), *Eubalaena australis* (n=8), *Physeter macrocephalus* (n=8), *Kogia breviceps* (n=3), *K. sima* (n=4), *Orcinus orca* (n=1), *Pseudorca crassidens* (n=4), *Globicephala melas* (n=1), *Tursiops truncatus* (n=5), *Delphinus* sp. (n=2), *Sotalia fluviatilis* (n=1), *S. guianensis* (n=11), *Stenella attenuata* (n=1), *S. coeruleoalba* (n=2), *S. frontalis* (n=9), *Steno bredanensis* (n=3), *Lagenodelphis hosei* (n=3), *Inia araguaiaensis* (n=3), *I. geoffrensis* (n=2), *Pontoporia blainvillei* (n=15), *Berardius arnuxii* (n=1), *Ziphius cavirostris* (n=2), *Mesoplodon europaeus* (n=1), *Arctocephalus australis* (n=5), *A. tropicalis* (n=1), *Otaria flavescens* (n=5), *Mirounga*

leonina (n=1), *Lobodon carcinophaga* (n=1) e *Trichechus manatus* (n=11). O uso deste marcador demonstrou um alto grau de confiabilidade na identificação da maioria das espécies. Contudo, em alguns casos de espécies congênicas (ex. *Kogia* spp.) foi fundamental a consulta ao material voucher (crânio) para sua correta identificação, além da comparação das sequências nucleotídicas do gene COI dos espécimes depositados. Neste sentido, enfatiza-se a grande importância das coleções científicas e da integração de análises morfológicas e moleculares para o sucesso de qualquer abordagem na sistemática moderna.