



Evento	Salão UFRGS 2015: SIC - XXVII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2015
Local	Porto Alegre - RS
Título	DNA barcoding na definição taxonômica de espécimes do gênero Pasipha (Platyhelminthes: Tricladida) no Sul do Brasil
Autor	GIOVANA GAMINO RIBEIRO
Orientador	VICTOR HUGO VALIATI
Instituição	UNISINOS - Universidade do Vale do Rio dos Sinos

DNA barcoding na definição taxonômica de espécimes do gênero *Pasipha* (Platyhelminthes: Tricladida) no Sul do Brasil

Autor: Giovana Gamino Ribeiro

Orientador: Prof. Dr. Victor Hugo Valiati

Instituição: Universidade do Vale do Rio dos Sinos (UNISINOS)

A molécula de DNA e suas sequências, aliadas as tecnologias computacionais e aos bancos de dados públicos, tornaram-se uma das principais fontes de informações para a nossa compreensão das relações filogenéticas e evolutivas dos diferentes táxons. Planárias terrestres são um bom exemplo da importância do uso dessas ferramentas para identificar grupos morfologicamente semelhantes, bem como, auxiliar no entendimento da história evolutiva desses grupos. Revisões taxonômicas nos últimos anos apontaram que muitas das espécies incluídas no gênero *Geoplana* deveriam ser revisadas. Entre estes grupos encontra-se o gênero *Pasipha*, que atualmente inclui 25 espécies formalmente descritas com ocorrência no Brasil, Chile e Panamá. No Rio Grande do Sul há o registro de apenas três espécies: *P. hauseri*, *P. backesi*, *P. brevilineata*. Espécimes do referido gênero, coletados em diferentes locais do Rio Grande do Sul e Paraná, foram inicialmente diferenciados pela característica morfológica externa de possuir, ou não, uma listra de cor clara na extremidade posterior do corpo. Com intuito de avaliar se tal característica poderia ser considerada de importância taxonômica, o presente trabalho visou estabelecer o status específico de 30 espécimes utilizando o gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COI) como marcador molecular. Para tanto, utilizou-se uma região de aproximadamente 600-pb da COI, isolada e amplificada pela técnica de PCR, sequenciada automaticamente e, diferentes ferramentas de bioinformáticas (MEGA, ABGD, Network e Mr. Bayes), para avaliar: 1) as distâncias genéticas (K2P) intra e interespecíficas; 2) testar as máximas divergências intraespecíficas com métodos de “barcode gap”; 3) verificar a relação haplotípica entre as diferentes populações dos espécimes; e 4) estabelecer a relação filogenética dos espécimes dentro do gênero *Pasipha*. As reconstruções filogenéticas (Bayesiana e de Máxima Verossimilhança) indicaram que os espécimes formam grupos independentes, de acordo com os diferentes locais onde foram coletados. As taxas de substituições nucleotídicas intra (0,1% a 0,4%) e intergrupos (1,6% a 5,2%) ratificam a hipótese desses espécimes serem novas espécies para o gênero. Os relacionamentos haplotípicos, entre os espécimes das diferentes localidades, demonstrou a existência de dois grupos geográficos, um com espécies de *Pasipha* no Rio Grande do Sul e outro com uma espécie no Paraná, ratificando hipótese sustentada pela recuperação filogenética.

Apoio: CNPq, UNISINOS.