



Sessão de Biologia III  
Dia 07/11/14 – 16h00 às 18h00  
Unila-PTI - Bloco 03 – Espaço Mercosul – Sala 06

## **DNA *BARCODING*: APLICACIÓN EN EL ESTUDIO COMPARATIVO DE FAUNAS.**

**Jerson Rogelio Chanchay Castro**

Estudiante del curso de Ciencias Biológicas

Bolsista Pibic UNILA

jerson\_one@hotmail.es

**Dr. Luiz Henrique Garcia Pereira**

Professor Adjunto

Instituto Latino Americano de Ciências da Vida e da Natureza

Orientador

luiz.pereira@unila.edu.br

**Resumen:** El DNA *Barcoding* es una técnica propuesta en 2003 con el objetivo de crear un sistema rápido, eficaz y estandarizado de identificación de especies con base en códigos de barra genéticos, formados por la secuencia de 650 pb del gen mitocondrial Citocromo Oxidase I (COI). En estos últimos 11 años la técnica se ha mostrado altamente eficaz por lo cual se han secuenciado 214 mil especies (~15 mil peces). Las secuencias depositadas en los bancos de datos públicos han dado paso a la elaboración de nuevas investigaciones como a la identificación de nuevas especies entre otros. Por otra parte la región Neotropical ha impuesto un gran desafío al levantamiento y identificación de especies debido a su mega diversidad, además de eso muchas especies se encuentran descritas como de amplia distribución geográfica, y en el caso de peces llegando habitar hasta en diferentes bacías hidrográficas. Dentro de este contexto el presente trabajo tuvo como objetivo el análisis de especies de peces que son encontradas en diferentes bacías hidrográficas Neotropicales (dos o más), utilizando secuencias ya depositadas en los bancos de datos públicos, con el fin de verificar si esas especies forman una única unidad genética en toda su área de distribución. Para eso utilizamos la técnica de DNA *Barcoding* que delimita las especies con un valor de divergencia de 2%. Fueron descargadas 2736 secuencias *barcode* de 111 especies de amplia distribución, disponibles en *The barcode of Life Data System* (BOLDSYSTEMS), las cuales fueron verificadas para eliminar posibles errores de identificación o defectos en la secuencia. Al final encontramos 28 especies que habitan en bacías diferentes (dos a cinco), de las cuales cuatro presentaron diferencias inferiores al 2% representando un única unidad genética, y el resto formaron grupos en los cuales es presumible la existencia de más de una especie, teniendo así un total de 80 especies (según el estándar *barcoding*). Dentro de las 24 especies que presentaron diferencias (>2%), 16 pudieron caracterizar y diferenciar las poblaciones de una bacía en relación a otra y el restante formaron un patrón mas complejo, presentando dos o mas unidades genéticas distintas aunque compartidas entre las bacías. La presencia de grupos con una divergencia mayor al estandarizado dentro o fuera de las bacías puede indicar posibles errores en la identificación o presencia de una diversidad escondida, la cual da paso a nuevas investigaciones para comprobar si en realidad estamos tratando con especies diferentes. Nuestros datos ratifican con datos publicados la eficacia del método *barcoding* en la

identificación de especies y la subestimación de la riqueza por parte de los modelos taxonómicos actuales identificando posibles 52 nuevas especies. Agradezco a la Universidad Federal de la Integración Latino-Americana (UNILA) por la bolsa de iniciación científica concedida.

**Palabras clave:** nuevas especies; diversidad escondida; especies crípticas; Neotropical; código de barras genético.