

O POTENCIAL DO DNA *BARCODE* PARA A TAXONOMIA DE MINHOCAS: IDENTIFICAÇÃO E CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES BRASILEIRAS

Elodie da Silva⁽¹⁾, Marcio Gonçalves da Rosa⁽²⁾, Guilherme Schühli⁽¹⁾, Samuel Wooster James⁽³⁾, Marie Luise Carolina Bartz⁽⁴⁾, Herlon Nadolny⁽⁵⁾, Eliza Busch⁽⁵⁾, George Gardner Brown⁽¹⁾

- (1) Embrapa Florestas, Colombo, PR. E-mail: elodie_dasilva@live.fr
- (2) Universidade do Estado de Santa Catarina, Chapecó, SC
- (3) University of Iowa, Iowa City, IA, EUA
- (4) Universidade Positivo, Curitiba, PR
- (5) Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR

Estima-se que existam cerca de 3600 espécies de minhocas no mundo e igual número a serem descobertas e descritas. Das mais de 800 espécies estimadas no Brasil, apenas 240 a 260 são conhecidas, deste modo grandes áreas no país continuam sem número representativo, existindo estados com poucos registros de espécies de minhocas. A identificação das espécies de minhocas pode ser determinada por meio da caracterização morfológica ou molecular. Considerando as dificuldades taxonômicas enfrentadas para identificar os animais de solo (impedimento taxonômico), ferramentas usando DNA podem facilitar e melhorar a exploração da biodiversidade e a sua descrição. Através da análise do DNA, a identificação de espécies de oligoquetas, especialmente indivíduos pequenos, juvenis e casulos, torna-se possível. Um fragmento da sequência nucleotídica do DNA mitocondrial da subunidade I do gene citocromo oxidase (COI), com 658 pares de base, têm sido proposto como padrão para a identificação molecular de espécies animais. O DNA *barcoding* é uma iniciativa a nível mundial que busca desenvolver o DNA *Barcode* como um padrão global em taxonomia, sendo uma colaboração entre instituições que realizam inventários da biodiversidade buscando promover a rápida compilação de dados de DNA *Barcode* de alta qualidade em uma banca de dados (*Barcode of Life Data Systems* - BOLD). Os objetivos do presente trabalho foram de i) coletar e identificar espécies de minhocas em várias regiões do Brasil com o uso do DNA *barcode* para auxiliar na conservação das espécies brasileiras e ii) enriquecer o banco de dados do projeto BR-BOL (*Brazilian Barcode of Life*) com novas sequências. As minhocas foram coletadas em 112 locais de 2004-2014. As sequências do gene COI obtidas depois da extração do DNA das minhocas, PCR e sequenciamento foram analisadas através do método do Neighbor-Joining (NJ) com MEGA 4.0 usando o modelo Kimura-2 parâmetros (K2P). As sequências foram separadas em espécies potenciais (MOTUs) segundo a divergência entre as sequências de nucleotídeos e identificadas morfológicamente. Os 364 indivíduos avaliados foram separados em 149 MOTUs, sendo 37% deles indiv. únicos. A maioria (55%) eram dos gêneros *Fimoscolex* ou *Glossoscolex*, separados em 56 MOTUs, sendo a maioria espécies novas, que ainda precisam ser descritas.

No Brasil, essa ferramenta é especialmente útil considerando a atual limitação de taxonomistas. O DNA *barcode* permitiu estudar um grande número de exemplares de modo eficiente e rápido, identificando no mesmo tempo novas espécies, que serão em seguida descritas por especialistas.

Palavras-chave : identificação molecular, impedimento taxonômico, Oligoqueta, biodiversidade, Brasil.

Apoio financeiro : CNPq, Embrapa