

**Delimitação De Unidades Taxonômicas Em Peixes Do Gênero *Symphurus*
(Pleuronectiformes, Cynoglossidae) Da Costa Marinha Brasileira Por Meio De Dna
Barcode**

Fernandes, M.B¹; Santos-Queiroz, F¹; Bitencourt, J.A¹, Affonso, P.R.A.M¹

¹Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia; Departamento de Ciências Biológicas, Jequié, BA,
Brasil

E-mail para contato: 70.mauricio17@gmail.com

A identificação por meio de características morfológicas tem-se mostrado insuficiente para a resolução de incertezas taxonômicas, especialmente em grupos com alta sobreposição de dados merísticos, como no caso de peixes marinhos da família Cynoglossidae. Apesar da descrição de novas espécies dessa família a partir de análises anatômicas, como *Symphurus oxyrhynchus* (sp. nov.), esse grupo de Pleuronectiformes é reconhecido por conter uma diversidade ainda pobremente descrita em função do alto número de formas crípticas ou sinonímias. Frente a isso, a aplicação de análises genéticas tem facilitado e acelerado o processo de identificação de unidades evolutivas e novos táxons em Pleuronectiformes. Desse modo, realizamos análises de delimitação molecular a partir do sequenciamento do gene mitocondrial COI em três espécies de *Symphurus*, um gênero particularmente controverso de Cynoglossidae ao longo da costa marinha brasileira. Para compor o banco de dados, foram adicionadas 291 sequências de espécies congênicas obtidas na plataforma BOLD, distribuídas em 47 BINs. Os altos valores de suporte (*bootstrap* e probabilidade *a posteriori*) nas reconstruções a partir de análises de *Neighbor-Joining*, Máxima Verossimilhança e Inferência Bayesiana e os resultados congruentes na maioria dos algoritmos de delimitação (e.g., PTP, ASAP, ABGD, MPTP e GMYC) permitiram identificar 45 unidades taxonômicas moleculares operacionais (MOTUS). As distâncias intraespecíficas dentro de cada MOTU variaram de 0 a 4,9%, com valor médio de 0,5%. As distâncias interespecíficas variaram entre 2% (MOTUs 44 x 45) e 34,7% (MOTUs 18 x 33), com valor médio de 24,4%, sendo 48x maior que a observada dentro de cada grupo. Assim, fica caracterizada a presença do *barcode gap*, demonstrando a eficiência do DNA barcode na discriminação de espécies no gênero *Symphurus*. Em relação aos dados referentes a amostras coletadas nesse trabalho, foi recuperado um clado fortemente apoiado que agrupou *S. cf. tesselatus* da costa brasileira com espécimes de Belize, Porto Rico e México (MOTU 45). No entanto, possíveis erros de

identificação ou casos de sinonímia foram observados na MOTU 20, agrupando amostras de *S. cf. tessellatus* e *S. jenynsi*. Deve-se destacar que a amostra previamente identificada como *Symphurus* aff. *plagusia* mostrou-se inserida no cluster de *S. ginsburgi*. Casos de sinonímia ou erros de identificação também foram identificados em outros táxons tais como *S. orientalis* + *S. novemfasciatus* (MOTU 4) e *novemfasciatus* + *S. hondoensis* (MOTU 7). Vale destacar que três MOTUs (19, 22 e 23) de BINs distintos foram identificados para *S. diomedeanus*. Ainda foi possível indicar a presença de possíveis espécies crípticas ainda não devidamente reconhecidas, uma vez que as amostras sem identificação específica (*Symphurus* sp.) foram divididas em oito grupos com relacionamentos distintos a outros representantes do gênero e apoiados pela maioria do algoritmos de delimitação. Desse modo, nossos dados indicam casos de complexos de espécies, possíveis formas crípticas e erros de identificação em *Symphurus*, revelando uma diversidade subestimada nesse grupo.

Palavras-chaves: Cynoglossidae. Unidades taxonômicas. Diversidade. Linguados.

