

CÓDIGOS DE BARRAS DO DNA E A DIVERSIDADE DE INVERTEBRADOS TERRESTRES: O CASO DAS MINHOCAS

George G. Brown⁽¹⁾, Elodie da Silva⁽¹⁾, Marcio G. da Rosa⁽²⁾, Guilherme Schühli⁽¹⁾, Samuel W. James⁽³⁾, Marie L.C. Bartz⁽⁴⁾, Herlon Nadolny⁽⁵⁾, Eliza Busch⁽⁵⁾, Thibaud Decaëns⁽⁶⁾

(1) Embrapa Florestas, Colombo, PR. E-mail: george.brown@embrapa.br

(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

(6) Université de Rouen, Rouen, França

O código de barras do DNA (DNA barcode) é um fragmento da sequência nucleotídica do DNA mitocondrial da subunidade I do gene citocromo oxidase (COI), com 658 pares de base, usado como padrão para a identificação molecular de espécies animais. Essa técnica possui alto potencial para avaliação da biodiversidade de invertebrados de um determinado local, pois todos os indivíduos podem ser analisados e identificados, mesmo os juvenis e ovos/casulos que não podem ser identificados morfológicamente. A técnica também pode revelar diversidade críptica, ou seja, espécies geneticamente distintas, mas morfológicamente similares. Atualmente, existem diversas iniciativas em nível nacional e internacional, usando essa estratégia para avaliar a biodiversidade de invertebrados terrestres, alguns deles edáficos. Entre essas está o iBOL (International Barcode of Life), que inclui barcoding de minhocas, colêmbolos e formigas, e o BR-BOL (Brazilian Barcode of Life), que inclui Hymenoptera e Oligochaeta (minhocas e enquitreídeos). Até o momento, foram realizados barcodes de aprox. 600 minhocas de 175 localidades no Brasil, principalmente dos estados de PR, SP e SC (>80% do total), mas também de RJ, RS, MG, MT, MS, MA, AM e AP. Esses 600 indivíduos foram classificados em aprox. 175 “espécies” genéticas, com divergências >14-15%, mas uma alta proporção de “singletons” (~37%), espécies com um só indivíduo. Mais de 60 novas espécies foram também identificadas morfológicamente, aumentando o número de espécies nativas conhecidas no país para >300. Como ainda existem grandes áreas no país sem registro de coletas, e a maior parte dos indivíduos coletados no campo normalmente são pequenos e/ou juvenis/casulos, certamente ainda se encontrarão muitas novas espécies com maiores esforços de coleta, e com a identificação tanto morfológica quanto usando DNA barcoding, que permite estudar um grande número de exemplares de modo eficiente e rápido. Os barcodes podem depois ser comparados com a base de dados do BOLD (Barcode of Life Data Systems), para saber se são espécies novas ou já conhecidas. No Brasil, essa ferramenta é especialmente útil considerando a atual limitação de taxonomistas.

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

Apoio financeiro: CNPq, Embrapa, National Science Foundation