

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
"JÚLIO DE MESQUITA FILHO"**

LUIZ HENRIQUE GARCIA PEREIRA

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DOS PEIXES DA
BACIA DO ALTO RIO PARANÁ**

**Botucatu - SP
Fevereiro/2011**

LUIZ HENRIQUE GARCIA PEREIRA

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DOS PEIXES DA
BACIA DO ALTO RIO PARANÁ**

Tese apresentada ao Curso de Pós-Graduação
do Instituto de Biociências de Botucatu da
Universidade Estadual Paulista “Júlio de
Mesquita Filho” - UNESP, para a obtenção do
título de Doutor em Ciências Biológicas -
Zoologia

Orientador: Prof. Dr. Claudio de Oliveira

**Botucatu - SP
Fevereiro/2011**

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CAMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE

Pereira, Luiz Henrique Garcia.

Identificação molecular dos peixes da bacia do Alto rio Paraná / Luiz
Henrique Garcia Pereira. - Botucatu, 2011

Tese (doutorado) - Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual
Paulista, 2011

Orientador: Claudio de Oliveira

Capes: 20200005

1. Genética. 2. Peixes. 3. Paraná – Rio.

Palavras-chave: Alto Rio Paraná; *COI*; DNA *barcode*; Identificação molecular;
Peixes.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à DEUS por me conceder a oportunidade e me dar forças para trilhar este caminho.

Ao professor Dr. Cláudio de Oliveira pela oportunidade, confiança, incentivo e orientação ao longo de minha trajetória acadêmica, participando efetivamente da minha formação.

Ao professor Dr. Fausto Foresti pela oportunidade, apoio e incentivo durante todos esses anos.

Ao amigo Renato Devidé, técnico do laboratório, pelo auxílio imprescindível nos trabalhos de campo.

Ao professor Dr. Robert Hanner pela oportunidade concedida e orientação durante o estágio desenvolvido no “Canadian Centre for DNA Barcoding” (CCDB), University of Guelph, Canadá.

*À toda equipe do CCDB, em especial à Constantine Christopoulos, pelo auxílio na obtenção das sequência *barcode* durante o estágio realizado.*

Ao Dr. Ricardo Benine, ao professor Dr. Ricardo M.C. Castro, ao professor Dr. Francisco Langeani e ao Msc. Mahmoud Mehanna, pelo auxílio na identificação de parte das espécies utilizadas neste trabalho.

Aos funcionários do Instituto de Biociências, do Departamento de Morfologia e da Seção de Pós-Graduação, que trabalharam gentilmente e contribuíram de forma direta ou indireta para o desenvolvimento desta pesquisa.

À comissão examinadora, pela disponibilidade de participar da avaliação deste trabalho, colaborando ativamente com o meu crescimento profissional e o enriquecimento deste trabalho.

À FAPESP e ao CNPq pelo auxílio financeiro, seja na forma de bolsa de estudos e/ou custeio da pesquisa realizada.

À Kelly e à Gleisy, por dividir comigo a tarefa de operar o sequenciador.

À todos os amigos do laboratório que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho e de minha formação pessoal. Em especial aos amigos, Marlon, Guilherme (Varvito), Fábio (Fio), Jefferson (Menudo), Alex, Emanuel, Kelly, Vanessa, Mahmoud, pelo companheirismo e amizade.

Aos meus pais, Sebastião e Valdete, e irmão, Wagner, pelo carinho, amor e incentivo durante todo este tempo, sempre confiando e me apoiando ao longo de minha vida e sem os quais eu não teria conseguido. Muito obrigado.

A minha companheira para toda vida, Priscila, por todo apoio, incentivo, confiança, carinho, dedicação e amor a mim dispensados, tornando minha vida mais feliz e significativa. Também pelo auxílio imprescindível durante o processo de elaboração deste trabalho. Meu muito obrigado! Te amo!

"Um pouco de ciência nos afasta de Deus. Muito, nos aproxima."
Louis Pasteur

RESUMO

A identificação da diversidade biológica é um desafio nos dias atuais frente aos 10 a 15 milhões de espécies estimadas. Neste sentido, o uso de ferramentas moleculares para a identificação e caracterização de espécies tem-se mostrado promissor. Há mais de 40 anos o uso dessas ferramentas tem auxiliado na identificação de espécies, principalmente para os grupos em que ainda faltam estudos taxonômicos, são muitos especiosos e/ou se caracterizam por possuir espécies morfologicamente muito semelhantes. Recentemente foi feita uma proposta para a identificação molecular das espécies, denominada DNA *barcode*, com o objetivo de criar um sistema padronizado, rápido e eficaz de identificação de espécies para toda vida eucariótica. O método utiliza um fragmento de 655 pb do gene mitocondrial *COI* que funciona como um código de barras de DNA. A metodologia se fundamenta na premissa de que a variação nucleotídica intra-específica é sempre menor que a variação nucleotídica encontrada entre espécies, permitindo assim separá-las com uma taxa de erro insignificante. A metodologia já se mostrou bastante eficaz com resolução maior que 90% para diversos grupos animais. A bacia do Alto rio Paraná drena uma área de aproximadamente 890 mil km² e está inserida numa das regiões mais exploradas e impactadas do Brasil. É considerada a região mais bem estudada do ponto de vista ictiofaunístico da América do Sul, apresentando uma diversidade de aproximadamente 350 espécies. No entanto, esse número ainda é incerto, frente ao elevado número de espécies já reconhecidas e não descritas e à existência de regiões ainda pouco exploradas na bacia. Assim, o uso da metodologia de identificação por DNA *barcode* se mostra bastante promissor para o estudo e caracterização dessa importante fauna. Diante do exposto, os objetivos do presente trabalho foram: verificar a aplicabilidade da metodologia *barcode* na identificação do maior número possível de espécies da bacia; analisar casos de possíveis espécies crípticas e disponibilizar junto ao BOLD as sequências *barcode* das espécies do Alto rio Paraná para o uso na identificação dessas espécies. Foram analisados 1360 espécimes pertencentes à 214 espécies nominais e 42 espécies identificadas até o nível genérico. Os protocolos de obtenção e análise das sequências *barcode* seguiram as recomendações do BOLD. A metodologia de identificação por DNA *barcode* se mostrou altamente eficaz permitindo a correta identificação de 90% das espécies analisadas (231 espécies). 31 pares de espécies (46 espécies) apresentaram baixos valores de divergência genética interespecífica (<2%), das quais 40 espécies puderam ser identificadas com o uso de abordagens como a de monofiletismo recíproco e a de nucleotídeo diagnóstico. 15 espécies apresentaram divergência genética intra-específica maiores que 2% sinalizando a existência de 30 possíveis espécies novas. As análises das espécies de *Piabina* mostraram a eficácia do DNA *barcode* para esse fim. As análises no gênero *Astyanax* mostraram a aplicabilidade do método na identificação de espécies problemas mostrando-se eficaz mesmo quando os valores de divergência genética interespecíficos são baixos. Assim, pode-se concluir que a metodologia de identificação por DNA *barcode* é eficaz na identificação e sinalização de possíveis espécies novas para a ictiofauna da bacia do Alto rio Paraná, mostrando-se bastante útil e relevante para o estudo e conhecimento desta importante fauna de peixes.

Palavras-chave: DNA *barcode*, Alto rio Paraná, *COI*, identificação molecular, peixes

ABSTRACT

The identification of biological diversity is a challenge due the estimated species numbers of 10 to 15 million. Thus, the use of molecular tools for identification and characterization of species has shown promising. These tools has been used for more than 40 years to aid in the species identification, mainly in groups with few taxonomic studies, with high number of species and with morphologically similar species. Recently, a new proposal to species identification was presented, called DNA barcode. The main objective is the creation of a standardized, fast and efficient methodology to identification of all eukaryotic life. The method uses a fragment of 655 bp from mitochondrial *COI* gene. The basis of successes of this methodology is the fact of the intraspecific nucleotide variation is lower than the interspecific variation, allowing the separation of species with insignificant error rate. The DNA barcode has proven effective, showing a resolution greater than 90% for many animal groups. The Paraná River Basin drains an area of approximately 890,000 km² and is located in the most exploited and impacted region of Brazil. It is considered the best studied basin from South America with 350 species of fishes recognized. However, the number of species is still uncertain due the high number of species recognized but not yet described and the occurrence of regions unexplored. Thus, the DNA barcode configure a useful tool to the study and characterization of this important fauna. The objectives of this study were: assessing the efficacy of the DNA barcode methodology to identify the species from this basin; analyzing carefully the cases of possible cryptic species and; to deposit in the BOLD system the sequences obtained to contribute with barcode database. We analyzed 1360 specimens belonging to 214 nominal species and 42 species identified to the genus level. The barcode sequences were obtained and analyzed following the BOLD protocols. The DNA barcode showed very effective, allowing the correct identification of 90% of analyzed species (231 species). 31 pairs of species (46 species) showed low levels of interspecific genetic divergence (<2%), in which 40 species have been identified using reciprocal monophyly and nucleotide diagnostic approaches. 15 species showed intraspecific genetic divergence greater than 2%, indicating the existence of 30 possible new species. The analyses of *Piabina* species demonstrated the efficacy of DNA barcode for this purpose. The analysis in the genus *Astyanax* showed the applicability of the method for identification of taxonomic problematic species and proved to be effective even when interspecific genetic divergence values are low. Thus, we conclude that the methodology of identification by DNA barcode is effective to identification and flagging possible new species to the fish fauna from the upper Paraná River Basin.

Keywords: DNA *barcode*, Upper Paraná River, *COI*, molecular identification, fishes

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

μ l	Microlitro
BOLD	The Barcode of Life Data System
CBOL	Consortium for The Barcode of Life
CCDB	Canadian Centre for DNA Barcoding
CNPq	Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
COI	Citocromo <i>c</i> Oxidase subunidade 1
CytB	Citocromo Oxidase B
DNA	Ácido desoxirribonucléico
dNTP	Desoxirribonucleotídeo trifosfato
EDTA	Ácido etilenodiamino tetra-acético
FNDCT	Fundo Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
F_{ST}	Distância genética entre pares de populações
FURP	Fishes from Upper Paraná Basin
GBS	Sistema Global de Bioidentificação
GPS	Global Position Space
iBOL	International Barcode of Life Project
K2P	Kimura-2-Parâmetros
LBP	Laboratório de Biologia e Genética de Peixes
M	Molar
MCT	Ministério de Ciência e Tecnologia
MG	Miligrama
MgCl ₂	Cloreto de magnésio
mL	Mililitro
mM	Milimolar
MP	Máxima Parcimônia
NaCl	Cloreto de Sódio
ND	Nucleotídeos Diagnósticos
NJ	Neighbor-Joining
NND	Nearest Neighbor Distance
NUMTs	Nuclear Mitochondrial DNAs
pb	Pares de Bases
PCR	Polymerase Chain Reaction
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
RPM	Rotação por Minuto
SDS	Dodecil-sulfato de sódio
SNP	Single Nucleotide Polymorphism
UNESP	Universidade Estadual Paulista

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.	Situação geográfica da bacia do Alto rio Paraná.....	27
Figura 2.	Mapa da distribuição dos 1360 exemplares de peixes analisados..	41
Figura 3.	Distribuição dos valores de divergência genética para os 1360 espécimes analisados em diferentes categorias taxonômicas.....	43
Figura 4.	Valores de divergência genética obtidos na análise por NND para os 1360 espécimes analisados.....	43
Figura 5.	Análise por ND para os pares de espécies com menos de 2% de divergência genética.....	47
Figura 6.	Mapas das distribuições dos subgrupos formados para cada espécie com valores de divergência genética intra-específica maiores que 2%.....	51
Figura 7.	Árvores obtidas pelo método de NJ para os espécimes de <i>Piabina</i> analisados.....	54
Figura 8.	Árvores obtidas pelo método de MP para os espécimes de <i>Piabina</i> analisados.....	55
Figura 9.	Rede de haplótipos para os sete grupos de <i>Piabina</i> formados	57
Figura 10.	Mapa da distribuição geográfica de cada um dos seis grupos de <i>P. argentea</i> formados.....	58
Figura 11.	Valores de divergência genética obtidos na análise por NND para as espécies do gênero <i>Astyanax</i>	60
Figura 12.	Dendrograma compacto de NJ mostrando a formação dos grupos de <i>Astyanax</i> e o monofiletismo recíproco apresentando por cinco das nove espécies analisadas.....	61
Figura 13.	Mapa de distribuição das espécies do grupo Scabripinnis e subgrupos da espécie <i>A. paranae</i> analisadas.....	62
Figura 14.	Mapa de distribuição das espécies do grupo Fasciatus e subgrupos da espécie <i>A. fasciatus</i> analisadas.....	63
Figura 15.	Mapa de distribuição dos subgrupos formados para a espécie <i>A. altiparanae</i>	65

LISTA DE TABELAS

Tabela 1.	Conjuntos de <i>primers</i> utilizados na amplificação do seguimento do gene <i>COI</i> , referente à sequência <i>barcode</i>	35
Tabela 2.	Valores de divergência genética (%) encontrados para o conjunto de 1360 espécimes analisados.....	42
Tabela 3.	Pares de espécies que apresentaram valores médios de divergência genética menores que 2%.....	44
Tabela 4.	Espécies que apresentaram valores de divergência genética entre espécimes maiores que 2%.....	45
Tabela 5.	Valores de divergência genética (%) entre os sete grupos de <i>Piabina</i> clusters formados.....	56
Tabela 6.	Índice F_{ST} par-a-par entre os sete grupos de <i>Piabina</i> formados.....	56
Tabela 7.	Valores de divergência genética K2P intra e interespecíficos observados para as espécies do gênero <i>Astyanax</i>	60
Tabela 8.	Valores de divergência genética (%) encontrados nas comparações par-a-par entre os grupos de espécies do gênero <i>Astyanax</i>	64
Tabela 9.	Valores de divergência genética encontrados dentro e entre cada subgrupo formado para as espécies <i>A. altiparanae</i> , <i>A. fasciatus</i> e <i>A. paranae</i>	65
Tabela 10.	Divergências genéticas K2P intra e interespecífica observadas na literatura disponível sobre <i>barcode</i> em peixes.....	69

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1.	Lista das espécies de peixes encontradas na bacia ao Alto rio Paraná.....	107
Anexo 2.	Lista dos espécimes analisados no presente trabalho.....	118
Anexo 3.	Dendrograma gerado por NJ com todos os espécimes analisados.....	147
Anexo 4.	Artigo submetido para publicação na revista <i>Mitochondrial DNA</i> (ISSN: 1940-1736) sob processo GDNA-2010-0047.R1.....	162

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	13
1.1. Identificação molecular de espécies	14
1.1.1. DNA <i>barcode</i>	15
1.1.2. Validação das sequências <i>barcode</i> – criação do banco de dados	18
1.1.3. Aplicações do DNA <i>barcode</i>	19
1.1.4. Limitações e críticas.....	21
1.2. Ictiofauna neotropical.....	25
1.2.1. A bacia do Alto rio Paraná	26
2. OBJETIVOS.....	31
3. METODOLOGIA	33
3.1. Material	33
3.2. Métodos	33
3.2.1. Extração de DNA genômico.....	33
3.2.2. Amplificação das sequências <i>barcode</i>	34
3.2.3. Purificação das amostras amplificadas.....	36
3.2.4. PCR de sequenciamento	36
3.2.5. Limpeza da PCR de sequenciamento.....	37
3.2.6. Sequenciamento de DNA.....	37
3.2.7. Análise dos dados	37
4. RESULTADOS.....	41
4.1. Casos de divergência genética interespecíficas menores que 2%	46
4.2. Casos com divergências genéticas intra-específicas maiores que 2%	50
4.3. Casos específicos	52
4.3.1. <i>Piabina argentea</i>	52
4.3.2. O gênero <i>Astyanax</i>	59
5. DISCUSSÃO	68
5.1. Casos de divergência genética interespecíficas menores que 2%	70
5.2. Casos com divergências genéticas intra-específicas maiores que 2%	75
5.3. Casos específicos	78
5.3.1. <i>Piabina argentea</i>	78
5.3.2. O gênero <i>Astyanax</i>	80
6. CONCLUSÕES	89
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	91
ANEXO 1.....	107
ANEXO 2.....	118
ANEXO 3.....	147
ANEXO 4.....	162

Introdução

1. INTRODUÇÃO

O conhecimento sobre a diversidade biológica é o ponto de partida para todos os estudos básicos ou aplicados relacionados às ciências da vida e o reconhecimento de espécies, bem como a atividade de nomeá-las é fundamental para o estudo da ecologia, comportamento, evolução e todas as outras disciplinas relacionadas aos organismos (Savage, 1995).

A diversidade biológica mundial é estimada entre 10-15 milhões de espécies, das quais aproximadamente dois milhões são conhecidas e descritas formalmente (Hammond, 1992; Howksworth e Kallin-Arroyo, 1995; Cox e Moore, 2000; May e Harvey, 2009). No Brasil são conhecidas aproximadamente 200.000 espécies e estima-se que a biodiversidade brasileira esteja compreendida entre 1,4 e 2,4 milhões de espécies (Lewinsohn, 2005). Entre os anos de 1978 e 1995 foram descritas 7.302 espécies para o Brasil, cerca de 430 por ano (Marques e Lamas, 2006). Nesse ritmo seriam necessários aproximadamente 4.000 anos para descrever as espécies estimadas somente para o Brasil. O fator limitante nesse contexto é o número reduzido de taxonomistas, os quais até mesmo inexitem para muitos grupos e mesmo para os grupos mais bem estudados, esse número é insuficiente frente ao número de espécies estimadas (Lewinsohn, 2005; Marques e Lamas, 2006). Além disso, a forma tradicional de identificação de espécies enfrenta algumas limitações como a plasticidade fenotípica e genotípica dos caracteres utilizados para o reconhecimento das espécies, que podem levar a erros de identificação devido a existência de espécies crípticas em muitos grupos, as quais não podem ser identificadas facilmente e; ao fato de as chaves de identificação para diversos grupos serem formuladas para um único estágio de vida e/ou sexo impossibilitando a identificação de muitos espécimes (Hebert et al., 2003).

Outro fator relevante a ser considerado dentro deste contexto é a extinção. Somente para o Brasil são apontadas 627 espécies da fauna e 472 espécies da flora ameaçadas de extinção (Fonte: Ministério do Meio Ambiente, Brasil). No mundo, são estimadas 18.351 espécies ameaçadas de extinção entre animais, vegetais e fungos (IUCN, 2010). Esses valores são reconhecidamente subestimados uma vez que se referem apenas às espécies já descritas e reconhecidas, sendo que, mesmo para muitas dessas, ainda faltam informações. Extrapolando esses valores para toda a

biodiversidade estimada para o planeta, centenas a milhares de espécies devem se extinguir por ano sem antes mesmo serem conhecidas. Wilson (1993) estima que o planeta perca aproximadamente 0,25% de suas espécies por ano (cerca de 12.000 espécies) e algumas pesquisas já tratam da possível ocorrência da sexta extinção em massa do planeta nos dias atuais (Ananthaswamy, 2004; Wake e Vendreburg, 2008).

Diante desse cenário, novas metodologias se fazem necessárias para auxiliar as metodologias tradicionais no estudo e conhecimento da biodiversidade, simplificando e acelerando esse processo. Neste sentido, a biologia molecular tem se mostrado uma ferramenta valiosa.

1.1. Identificação molecular de espécies

A espécie é uma unidade de comparação fundamental em todos os campos da biologia, da anatomia ao comportamento, desenvolvimento, ecologia, evolução, genética, biologia molecular, paleontologia, fisiologia, sistemática, etc. (de Queiroz, 2005, 2007). Ao longo da história, muitos conceitos de espécie foram propostos, incluindo o tipológico, morfológico, biológico, por isolamento reprodutivo, etc. Ainda que extensos debates sejam constantemente travados em relação a esses conceitos de espécie (de Queiroz, 2005, 2007; Waugh, 2007), do ponto de vista prático, os taxonomistas são os profissionais responsáveis pela caracterização dessas entidades biológicas e sua classificação, tornando-as palpáveis e reconhecíveis pela atribuição de um nome, erigido de acordo com os códigos internacionais de nomenclatura (Köhler, 2007).

A atribuição de um nome não constitui uma simples aplicação de regras de nomenclatura, mas sim a elaboração de uma hipótese, segundo a qual um determinado conjunto de caracteres (usualmente morfológicos) é capaz de identificar uma entidade (espécie) com características biológicas próprias e histórias evolutivas independentes de outras entidades biológicas similares. Essas hipóteses podem ser testadas de diversas maneiras e, como todas as hipóteses, podem ser refutadas ou não. Adicionalmente, quando as descrições de espécies são baseadas em uma ampla base de dados, elas se tornam hipóteses científicas interessantes permitindo

a elaboração de predições explícitas sobre os atributos dos organismos (Lipscomb et al., 2003).

Os dados morfológicos foram, historicamente, os primeiros a serem utilizados na identificação de espécies simplesmente pelo fato de que foram os primeiros disponíveis aos pesquisadores que iniciaram a sistematização do conhecimento sobre os seres vivos. Com o desenvolvimento de novos métodos de estudos, novas metodologias foram se tornando disponíveis para o conhecimento da biodiversidade. Dessa maneira, há mais de 40 anos, a eletroforese de proteínas em géis de amido foi, pela primeira vez, utilizada para identificar espécies (Manwell e Baker, 1963). Há aproximadamente 30 anos, a análise das sequências de nucleotídeos do DNA ribossômico foi utilizada para investigar as relações evolutivas em níveis superiores (Woese e Fox, 1977) e as pesquisas em DNA mitocondrial dominaram a sistemática molecular no final da década de 70 e início da década de 80 (Avice, 1994). Atualmente, inúmeros trabalhos visando a identificação de espécies têm sido realizados, utilizando-se dos mais diversos marcadores moleculares. Há trabalhos que se utilizam de isozimas (Aron e Solé-Cava, 1991; Gusmão et al., 2000), fragmentos obtidos por enzimas de restrição (RFLP) (Moysés e Almeida-Toledo, 2002), DNA *arrays* (Hajibabaei et al., 2007), SNPs (single-nucleotide polymorphism) (Shaffer e Thonsom, 2007), PCR-Multiplex (Mendonça et al., 2009), sequências de DNA dos mais variados genes (Pook e McEwing, 2005; Lemer et al., 2007), dentre outros. No entanto, apesar dessas técnicas responderem satisfatoriamente aos problemas propostos, o uso de diferentes técnicas e/ou genes por diferentes laboratórios para diferentes grupos taxonômicos inviabiliza a criação de um sistema de identificação molecular universal de espécies por não ser comparativo.

1.1.1. DNA *barcode*

Diante desse cenário e da promissora eficácia de um sistema de identificação molecular, Hebert et al. (2003) propuseram a padronização do método por meio do uso de um fragmento de uma única sequência gênica para diferenciar todas, ou pelo menos a vasta maioria, das espécies animais. Assim, foi proposto que um fragmento da extremidade 5' do gene mitocondrial Citocromo *c* Oxidase subunidade I (*COI*) de aproximadamente 650 pb serviria a este intento. Os autores justificam a escolha

desse gene devido à ampla gama de estudos já realizados com o mesmo; à existência de conjuntos robustos de *primers* universais para esta região para a maioria dos filos animais; pelo fato desse gene apresentar um aparente melhor sinal filogenético; possuir uma alta taxa de mutação, aproximadamente três vezes maior que as dos genes ribossomais 12S e 16S e; demonstrar maior eficácia na atribuição de indivíduos à categorias taxonômicas elevadas (filos, ordens) por meio da análise das substituições de aminoácidos (Hebert et al., 2003).

Essa metodologia foi denominada de DNA *barcode*, em analogia ao sistema de identificação de produtos por códigos de barras. Assim, da mesma forma que um produto é reconhecido por sua combinação única de código de barras, uma espécie seria identificada por sua combinação única e exclusiva de nucleotídeos no fragmento de aproximadamente 650 pb do gene *COI* (Hebert et al., 2003).

A metodologia possui como fundamento a exploração da diversidade entre as sequências de DNA, as quais tendem, por meio das mutações, a se tornarem únicas e exclusivas durante a história evolutiva das espécies (Kurtzman, 1994; Wilson, 2005; Hebert et al., 2003). Outro fundamento central se dá no fato de que a variação genética observada entre indivíduos de uma mesma espécie (variação intra-específica) é, na vasta maioria dos casos, significativamente menor do que a variação genética encontrada entre espécies (variação interespecífica) (Hebert et al., 2003, Hebert et al., 2004a e b; Waugh, 2007). Esta diferença cria uma lacuna entre os valores de variação genética intra e interespecíficas, a qual foi denominada de “*barcode gap*” (Hebert et al., 2004b) fornecendo assim o meio para a diferenciação entre as espécies (Hebert et al., 2004b; Waugh, 2007; Frézal e Leblois, 2008; Ward et al., 2009).

O principal objetivo da metodologia *barcode* é a criação de um Sistema Global de Bioidentificação (GBS) que visa automatizar, simplificar, acelerar e democratizar a identificação de espécies através da criação de um banco de dados público contendo as sequências *barcode* de toda a vida eucariótica (Hebert et al., 2003). Secundariamente, o GBS permitiria a sinalização de inúmeras espécies novas, baseadas nas variações genéticas, acelerando assim a compilação de todos os seres vivos do planeta e facilitaria a identificação nos casos de espécies crípticas, microscópicas e de organismos com morfologia complexa ou inacessível (Hebert et al., 2003; Hebert et al., 2004a e b, Ward et al., 2009).

O uso dessa metodologia ganhou muita relevância com a criação em 2004 do *Consortium for the BarCode of Life* (CBOL), uma organização internacional devotada ao desenvolvimento da metodologia do DNA *barcode* como padrão para identificação de espécies. Atualmente o CBOL conta com membros de 200 organizações de 50 países (ver sítio do CBOL em www.barcodeoflife.org). Em 2007 foi criado um banco de dados para a organização, análise, armazenamento e manutenção das sequências de DNA *barcode* denominado *The Barcode of Life Data System* (BOLD) (Ratnasingham e Hebert, 2007). O BOLD constitui-se numa plataforma de bioinformática integrada para dar suporte a todas as fases de obtenção, análise e validação das sequências *barcode* (Ratnasingham e Hebert, 2007). Mais recentemente, em 2010, foi lançado o *International Barcode of Life project* (iBOL), uma colaboração internacional com 26 países integrantes, dentre eles o Brasil, que visa a obtenção das sequências *barcode* de cinco milhões de espécimes representantes de 500 mil espécies no período de 2010 a 2015 (ver sítio do iBOL em www.ibol.org). Outras iniciativas, integradas ao CBOL e iBOL, visando à obtenção e organização das sequências *barcode* para grupos específicos foram criadas tais como *The Formicidae Barcode of Life* (www.formicidaeabol.org), *Bee Barcode of Life* (Bee-BOL - www.bee-bol.org), *All Birds Barcoding Initiative* (ABBI - www.barcodingbirds.org), *Trichoptera Barcode of Life* (www.trichopterabol.org), *Coral Reef Barcode of Life* (www.reefbarcoding.org), *Fish Barcode of Life Initiative* (FISH-BOL - www.fishbol.org), *All Fungi Barcode* (www.allfungi.org), *HealthBOL* (www.healthbol.org), *Lepidoptera Barcode of Life* (www.lepbarcoding.org), *Mammalia Barcode of Life* (www.mammaliabol.org), *Mosquito Barcode Initiative* (MBI), *Marine Barcode of Life* (MarBOL - www.marinebarcoding.org), *Polar Barcode of Life Campaign* (www.ibolproject.org/polar), *Shark Barcode of Life* (www.sharkbol.org), *Sponge Barcode Project* (www.spongebarcoding.org), além de inúmeras outras iniciativas menores (ver em www.ibol.org). No final de 2010 o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) em parceria com Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT) e o Fundo Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (FNDCT) publicou o Edital MCT/CNPq/FNDCT N° 50/2010, para a criação de uma rede brasileira de identificação molecular da biodiversidade denominada BR-BoL (ver em www.cnpq.br). O projeto tem início previsto para

janeiro de 2011 e prevê investimentos de R\$ 5.400.000,00 em recursos para este fim pelo período de três anos.

1.1.2. Validação das sequências *barcode* – criação do banco de dados

Para garantir a padronização na obtenção das sequências *barcode*, o BOLD criou um protocolo básico a ser seguido. Para o depósito das sequências no banco de dados são necessários apenas um número de identificação e a atribuição de um nome, que pode ser em um nível taxonômico elevado. No entanto, para o reconhecimento formal da sequência como *barcode* de uma espécie é necessário satisfazer sete itens: 1 – nome da espécie (que pode ser provisório); 2 – a existência de um *Voucher* com seus dados de catalogação e instituição de depósito; 3 – dados de coleta como nome dos coletores, data e localização com coordenadas geográficas (GPS); 4 – nome de quem identificou o espécime; 5 – a sequência da região *barcode* com pelo menos 500 pb; 6 – informações sobre os *primers* utilizados na amplificação do fragmento de DNA e; 7 – os respectivos eletroferogramas gerados de ambas as fitas de DNA (Ratnasingham e Hebert, 2007). Além disso, uma vez depositadas, as sequências de DNA passam por algumas análises para checar sua confiabilidade. As sequências são verificadas quanto à correspondência ao gene *COI*; à existência de códons de parada (*stop codons*) que poderiam flagrar a presença de pseudogenes; são comparadas com as sequências de possíveis contaminantes (ex. DNA humano) e; os eletroferogramas passam por uma análise detalhada para estimar a qualidade da sequência de DNA (Ratnasingham e Hebert, 2007). A exigência desses pré-requisitos fornece um alto grau de confiabilidade às sequências depositadas no BOLD, uma vez que as informações e/ou até mesmo o *voucher* de determinado espécime está disponível e pode ser consultado a qualquer momento.

O BOLD ainda disponibiliza uma série de ferramentas para análises de rotina como construção de dendrogramas, cálculos de distância genética, composição da sequência (conteúdo AT/GC), dentre outras.

Atendendo ao seu principal propósito, o BOLD já disponibiliza uma ferramenta para a identificação de espécies (Ratnasingham e Hebert, 2007). As sequências submetidas à análise são comparadas com aquelas depositadas no banco de dados.

A comparação se dá por meio do cálculo da distância genética com posterior construção de dendrogramas. O método de distância genética empregado é baseado no modelo de evolução molecular Kimura-2-Parâmetros (K2P) (Kimura, 1980), o qual foi escolhido por apresentar um melhor desempenho quando as distâncias genéticas são baixas (Nei e Kumar, 2000; Hebert et al., 2003), como é o caso das comparações entre espécies. Os dendrogramas são construídos a partir das 100 sequências que apresentaram maior homologia à sequência de interesse pelo método de *Neighbor-Joining* (NJ) (Saitou e Nei, 1987). O método de NJ é empregado devido ao seu histórico de bom desempenho na análise de grandes conjuntos de dados (Kumar e Gadagkar, 2000; Hebert et al., 2003).

Com o aumento de sequências *barcode* no banco de dados, o sistema de identificação tende a ficar mais robusto e preciso, uma vez que lacunas taxonômicas em diversos grupos são preenchidas (Hebert et al., 2003; Ratnasingham e Hebert, 2007).

1.1.3. Aplicações do DNA *barcode*

A principal aplicação da metodologia de identificação molecular por DNA *barcode* é a atribuição de um espécime a uma espécie conhecida. De fato, inúmeros trabalhos nos mais diversos grupos animais tem demonstrado sua eficácia incluindo gastrópodes (Remigio e Hebert, 2003), anelídeos (Chang et al., 2009), colêmbolos (Hogg and Hebert, 2004), lepidópteros (Hebert et al., 2004b; Hajibabaei et al., 2006b), aves (Hebert et al., 2004a; Kerr et al., 2007; Cai et al., 2010), efemerópteros (Ball et al., 2005), aracnídeos (Greenstone et al., 2005), crustáceos (Costa et al., 2007), peixes (Ward et al., 2005; Hubert et al., 2008; Valdez-Moreno et al., 2009; Ward, 2009; Lara et al., 2010; Ardura et al., 2010), dentre outros, com eficácia acima de 95%. Como exemplo, Ward et al. (2009) analisando os dados disponíveis de 657 espécies de aves e 1088 espécies de peixes no BOLD verificou eficácia de identificação de 93,6% e 97,9%, respectivamente. Uma consulta realizada durante o período de preparação desta tese (05/01/2011) apontou a existência de 1.075.981 sequências *barcode* representantes de 92.622 espécies dos mais diferentes grupos de seres vivos já depositadas no BOLD.

Outra aplicação importante da metodologia de identificação por DNA *barcode* diz respeito à capacidade das sequências em sinalizar possíveis novas espécies. De fato, há mais de 40 anos metodologias moleculares têm sido empregadas na delimitação e sinalização de especiação críptica (Manwell e Baker, 1963; Ward et al., 2009). Bickford et al. (2007) apontam que nas últimas duas décadas houve um aumento exponencial na identificação e reconhecimento de espécies crípticas com o avanço e utilização das ferramentas moleculares. Neste contexto, a metodologia por DNA *barcode* se mostra promissora.

Hebert et al. (2004b) estudaram 460 amostras de borboletas da região nordeste da Costa Rica da espécie *Astraptes fulgerator*, descrita em 1775, e mostraram que havia pelo menos dez espécies crípticas nessa região. As diferenças encontradas nas sequências de DNA foram correspondentes à observação de que havia diferentes padrões de coloração nas lagartas dessa espécie. A partir desse estudo, os autores propuseram um valor de corte para a delimitação entre espécies, o qual deve ser de pelo menos 10 vezes o valor da média de divergência intra-específica observada no grupo em estudo. Ward et al. (2009) analisando a distribuição da divergência genética das sequências *barcode* de peixes e aves depositadas no BOLD sugerem que, baseado em análises estatísticas, se um espécime desconhecido apresentar um valor de divergência genética maior que 2% em relação a um espécime conhecido, esse espécime teria 95% de probabilidade de representar uma espécie diferente. Witt et al. (2006) analisaram as sequências *barcode* de duas espécies de crustáceos anfípodes de difícil identificação do gênero *Hyaella* e encontraram uma elevada diversidade críptica. *Hyaella sandra* e *Hyaella azteca* apresentaram, respectivamente, duas e 33 diferentes linhagens com divergência genética variando de 4,4% a 29,9%. Os autores atribuíram *status* de espécies provisórias para essas linhagens. Até mesmo em grupos amplamente estudados como o das aves, foi possível, por meio da metodologia *barcode*, identificar novas espécies. Hebert et al. (2004a), analisando 260 espécies de aves norte-americanas, identificaram quatro possíveis novas espécies.

Diversos trabalhos têm reportado a eficiência do DNA *barcode* na detecção de novas espécies, muitas das quais foram descritas formalmente (Handfield e Handfield, 2006; Smith et al., 2006b; Anker et al., 2007; Bucklin et al., 2007; Gomez

et al., 2007; Pfenninger et al., 2007; Tavares and Baker, 2008, Ward et al., 2008; Ward et al., 2007; Smith et al., 2005; Nguyen, 2008; Yassin, 2008; Witt, 2006).

Outras aplicações do DNA *barcode* têm sido reportadas na literatura, como a identificação de espécimes extintos ou espécimes a partir de coleções (Hajibabaei et al., 2006a); em análises forenses (Nelson et al., 2007); na identificação e regulação de produtos e subprodutos de origem vegetal e/ou animal a partir de espécies proibidas ou não (Smith et al., 2007; Yancy et al., 2008); no auxílio ao controle de espécies invasoras (Chown et al., 2008); na facilitação da identificação e descoberta de espécies patogênicas de interesse médico, ecológico e agrônômico (Armstrong e Ball, 2005; Ball e Armstrong, 2006); no rastreamento de produtos patenteados do setor de agrobiotecnologia (Rastogi et al., 2007) e; nas análises de conteúdo estomacal para estudos de dieta e construção de teias e redes alimentares (Passmore et al., 2006; Valentini, 2009). Segundo Rubinoff (2006), Hajibabaei et al. (2007), Godfray (2007) e Miller (2007) a metodologia de *DNA barcode* pode contribuir, como vem sendo demonstrado, com a Taxonomia, Sistemática e Genética de Populações. Na taxonomia, o DNA *barcode* pode ser utilizado para identificar espécimes atípicos e contribuir para revisão da nomenclatura de vários grupos, assim como pode ser utilizado como método de rotina para auxiliar na identificação de espécies. Na sistemática o DNA *barcode* pode servir como ponto de partida para a seleção de táxons e as sequências de DNA obtidas nos projetos de DNA *barcode* podem ser adicionadas ao conjunto de sequências utilizadas para elaboração de filogenias. Na genética de populações o DNA *barcode* pode fornecer um primeiro sinal sobre a extensão e natureza das divergências populacionais o que facilitará os estudos comparativos da diversidade de várias espécies.

1.1.4. Limitações e críticas

Casos de hibridação e introgressão apresentam limitações à metodologia de identificação por DNA *barcode* (Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009). A limitação se encontra no modo de herança do genoma mitocondrial que, normalmente, nos animais é exclusivamente materna. Assim, em casos de hibridação, o espécime seria atribuído erroneamente à sua espécie materna. Casos de hibridação são reportados para diversos grupos, porém são aparentemente raros

(Frézal e Leblois). Por exemplo, em peixes, acredita-se que exista menos 1% de casos de hibridação em uma diversidade de aproximadamente 30.000 espécies (Ward et al., 2009). Nesses casos, para que haja uma identificação correta, é necessário o uso associado de genes nucleares (Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009).

Alguns grupos de espécies apresentam baixa taxa de evolução no gene *COI*, muitas vezes com valores de divergência genética tão baixos que impedem sua discriminação (Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009). De fato, se sabe que a taxa de evolução do gene *COI* varia entre grupos e até mesmo entre espécies (Krieger e Fuerst, 2002; Frézal e Leblois, 2008; Ward et al., 2009). Em plantas, por exemplo, o uso do *COI* na identificação de espécies é impraticável devido à baixa evolução do gene dentro deste grupo (Chase et al., 2005; Kress et al., 2005; Rubinoff et al., 2006). Este fato também é reportado para alguns grupos de gastrópodes (Meyer e Paulay, 2005), moscas (Meier et al., 2006), borboletas (Brower, 2006; Wiemers e Fiedler, 2007), cnidários (Hebert et al., 2003; Meyer e Paulay, 2005) e anfíbios (Vences et al., 2005). Por outro lado, existem grupos de espécies que evoluíram recentemente e que, embora possam possuir taxas de evolução para o gene *COI* semelhantes às encontradas para as espécies com boa resolução em sua separação, não podem ser prontamente identificadas pela metodologia do DNA *barcode*, por não terem tido tempo suficiente para acumular o número de mutações no gene *COI* necessário para se proceder a identificação (Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009). Para a resolução de ambos esses casos (baixa taxa de evolução do gene *COI* e radiação recente) é sugerido o uso de regiões do DNA que evoluem mais rapidamente e/ou o uso combinado de genes que apresentem boa resolução para a identificação desses táxons (Rubinoff e Holland, 2005; Dasmahapatra e Mallet, 2006; Kress e Erickson, 2007; Smith et al., 2007; Sevilla et al., 2007; Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009).

Outra limitação apontada no uso do DNA *barcode* é a existência de pseudogenes no genoma (NUMTs – nuclear mitochondrial DNAs) que são cópias de genes mitocondriais translocadas para o genoma nuclear (Williams e Knowlton, 2001). A amplificação desses pseudogenes poderia levar a erros de identificação, uma vez que não estando sobre pressão de seleção, acumulam mais rapidamente

mutações criando uma aparente divergência genética (Stoeckle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008, Ward et al., 2009). No entanto, esses mesmos autores alegam que dificilmente esses pseudogenes seriam amplificados com os conjuntos de *primers* utilizados devido à possível existência de mutações na região de anelamento do *primer* e, mesmo que amplificados, normalmente são menores que o gene de origem e possuem códons de parada ao longo de sua extensão, sendo facilmente reconhecidos. Porém, análises cautelosas e o uso de ferramentas que permitem identificar esses pseudogenes são necessários para se evitar erros de identificação.

Apesar da metodologia de DNA *barcode* ser extremamente recente, com cerca de oito anos de vida, várias críticas têm sido levantadas a respeito dela. Assim, a princípio, alguns críticos sugeriram que o DNA *barcode* não seria uma atividade científica porque não visaria testar hipóteses e gerar conhecimento, mas sim simplesmente produzir informações (Lipscomb et al., 2003; Ebach e Holdrege 2005). Entretanto, qualquer experimento gera informações que necessitam ser interpretadas sob a luz de hipóteses e essa é uma atividade científica. Segundo as palavras de Lipscomb et al. (2003) reduzir a taxonomia somente à identificação de espécies a torna uma simples tarefa técnica ao invés de uma ciência baseada em hipóteses. Esse mesmo raciocínio se encaixa perfeitamente nos estudos de DNA *barcode*, uma vez que esses nunca se limitam a relacionar as sequências encontradas para cada indivíduo, mas sim procuram interpretar as semelhanças e diferenças entre essas sequências e suas relações com as espécies reconhecidas por outros métodos. Assim, é forçoso concluir que taxonomia e DNA *barcode* são igualmente atividades científicas. Waugh (2007) argumenta também que a aplicação da técnica de DNA *barcode* serve ainda para testar a hipótese de que as espécies podem ser identificadas utilizando essa técnica e, no futuro, pode ser uma fonte de dados que gerará outras hipóteses, o que é também uma atividade essencialmente científica.

Uma crítica mais recente, apresentada por Wiemers e Fiedler (2007), diz respeito ao chamado problema de *barcode gap*. Os proponentes do uso do DNA *barcode* sugeriram que a diferença genética interespecífica excede a diferença intra-específica de tal maneira que um claro *gap* permitiria atribuir um espécime desconhecido à sua espécie com uma taxa de erro insignificante (Hebert et al., 2004b). Os desvios a essa regra seriam atribuídos a um pequeno número de pares

de espécies incipientes, com separação incompleta de linhagens (Hebert et al., 2004b). Como consequência, o estabelecimento da quantidade de divergência entre duas amostras acima de um determinado limite (proposto como sendo pelo menos 10 vezes maior do que dentro das espécies) iria indicar uma distinção no nível de espécie, enquanto uma diferença abaixo desse limite indicaria uma identidade taxonômica entre as amostras. Além disso, a existência de um *barcode gap* tornaria possível a identificação de espécies não descritas (Hebert et al., 2004b; Smith et al., 2006). Possíveis erros com essa abordagem incluem falsos positivos e falsos negativos (Wiemers e Fiedler, 2007). Falsos positivos ocorreriam quando populações dentro de uma espécie são muito distintas geneticamente (populações distantes com fluxo gênico limitado ou populações alopátricas com fluxo gênico interrompido) sendo identificadas como entidades distintas. Falsos negativos, por outro lado, ocorreriam quando pouca ou nenhuma variação nas sequências do fragmento de DNA utilizado é encontrada entre diferentes espécies as quais seriam consideradas erroneamente como uma única espécie (Wiemers e Fiedler, 2007). Meyer e Paulay (2005) sugerem que a amostragem insuficiente a nível interespecífico e intra-específico poderia criar, artificialmente, um *barcode gap*. Os proponentes do DNA *barcode* argumentam, entretanto, que a principal razão para essa sobreposição seria o pouco conhecimento taxonômico disponível para alguns grupos e a necessidade de revisão taxonômica dos mesmos.

Uma proposição alternativa e extremamente importante em relação ao estudo das sequências geradas nos projetos de DNA *barcode* foi apresentada por DeSalle et al. (2005). Segundo esses autores, um dos principais problemas com relação à análise dos dados gerados nos projetos de DNA *barcode* diz respeito ao uso extensivo da construção de árvores por métodos fenéticos (como *Neighbour-Joining*). Eles ressaltam que os equívocos do uso dessa metodologia têm levado a conclusões também equivocadas quanto ao uso do DNA *barcode*. Segundo os autores, a metodologia taxonômica corrente usa a descoberta de caracteres diagnósticos, independentemente de árvores, para estabelecer sistemas taxonômicos e, principalmente para identificar espécies. Assim, concluem que o uso dos caracteres de DNA em um contexto de diagnose seria muito mais compatível com os processos correntemente empregados em taxonomia, superando muito a abordagem por árvores. Além disso, DeSalle et al. (2005), propõe explicitamente

que deve haver uma ponte entre as pesquisas moleculares e morfológicas e que isso deve aprimorar o processo de identificação de espécies.

Outra crítica levantada por oponentes do uso da metodologia de DNA *barcorde* diz respeito ao reduzido número de indivíduos amostrados por espécie. As recomendações em curso sugerem que cinco exemplares deveriam ser amostrados de cada espécie procedentes, sempre que possível, de diferentes pontos dentro da área estudada. Rosenberg (2007), em um estudo estatístico sobre capacidade de determinação de monofilia em comparações inter-pares, demonstrou que uma pequena amostra, de apenas dez indivíduos para cada grupo testado, pode ser suficiente para uma discriminação altamente significativa do ponto de vista estatístico. Considerando que existem grandes diferenças biológicas entre grupos de organismos quanto a esse número mínimo, o emprego inicial de cinco indivíduos pode ser uma escolha metodologicamente viável, principalmente se encararmos essa escolha inicial como um 'experimento piloto'. Nos estudos biológicos há um consenso de que havendo disponibilidade de um grande número de amostras essas devem ser analisadas, mas havendo impedimentos, as análises devem ser feitas com o número possível de amostras.

1.2. Ictiofauna neotropical

A ictiofauna de água doce neotropical é a mais rica de todo o planeta. De acordo com Reis et al. (2003), das 13.000 espécies de peixes de água doce estimadas para o planeta, aproximadamente 6.000 espécies encontram-se na região neotropical, das quais 4.475 são consideradas válidas e cerca de 1.550 são conhecidas, porém ainda não descritas formalmente. Dentro desse universo de espécies de água doce destacam-se os representantes da superordem Ostariophysi que representam 71% dessa fauna (Reis et al., 2003). A prevalência dos Ostariophysi em ambientes de água doce é uma realidade mundial, uma vez que do total de espécies de peixes de água doce do mundo, 75% são Ostariophysi (Fink e Fink, 1981).

Em um levantamento das tendências históricas de descrição de espécies em Characidae e Loricariidae feito por Schaefer (1998), o autor estima que possam existir cerca de 8.000 espécies de peixes neotropicais de água doce, o que

corresponderia a 25% de todas as espécies de peixes do mundo. Esse número é discutido e aceito por Vari e Malabarba (1998) que acrescentam que toda essa diversidade de peixes de água doce neotropicais ocorre em menos de 0,003% da água doce do planeta. No Brasil são conhecidas aproximadamente 2.600 espécies e inúmeras outras já reconhecidas, porém não descritas (Buckup et al., 2007). Este número tende a aumentar, pois as amostragens ainda são insuficientes e muitas áreas permanecem inexploradas (Langeani et al., 2007; Junk, 2007). Como exemplo, Langeani et al. (2007) realizaram um inventário das espécies de peixes encontradas na bacia do Alto rio Paraná, umas das mais bem estudadas da região neotropical, e encontraram aproximadamente 50 (15% do total de espécies) espécies novas. Diversos outros trabalhos sugerem que o número de espécies tende a aumentar muito, principalmente entre aquelas de pequeno porte e encontradas em pequenos riachos e regiões de cabeceira que historicamente foram menos estudadas (Schaefer, 1998; Vari e Malabarba, 1998; Langeani et al., 2007; Castro, 2003, 2004, 2005; Galves et al., 2009). Além disso, o padrão de distribuição geográfica das espécies de peixes neotropicais é bastante complexo, com espécies amplamente distribuídas (ex. *Hoplias malabaricus*, *Astyanax paranae*) encontradas muitas vezes em diferentes bacias hidrográficas, enquanto outras são endêmicas e com distribuição geográfica restrita (ex. *Trichomycterus maracaya*, *Characidium xantopterus*) (Reis, 2003; Junk, 2007). Estudos detalhados com estas espécies podem revelar espécies crípticas ou até mesmo a sinonimização de algumas delas, aumentando o conhecimento sobre a diversidade de peixes neotropicais.

1.2.1. A bacia do Alto rio Paraná

O rio Paraná é o principal rio da bacia do Prata (48,7% da área total de drenagem) e o segundo maior em extensão da América do Sul. Desde sua nascente na Serra da Mata da Corda -MG, até a desembocadura no rio da Prata, na altura da foz do Rio Uruguai, ele percorre aproximadamente 3.809 km. Seu trecho superior (Rio Paranaíba – 1.070 km), seu trecho alto (da confluência dos rios Paranaíba e Grande até as antigas Sete Quedas – 619 km) e parte do seu trecho médio (das antigas Sete Quedas até a foz do rio Iguaçu – 190 km) se encontram em território

brasileiro, drenando uma área de 891.000 km², que corresponde a 10,5% da área de nosso país (Paiva, 1982).

A porção da bacia denominada de Alto rio Paraná abrange o norte do Estado do Paraná, quase todo o Estado de São Paulo e as porções sul dos Estados de Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e Goiás tendo seu limite inferior na região dos antigos Saltos de Sete Quedas (Guáira/PR), hoje inundada pelo reservatório de Itaipu (Boneto, 1986; Britski e Langeani, 1988; Langeani et al., 2007) (Figura 1). Os saltos de Sete Quedas delimitavam duas províncias ictiofaunísticas (Bonetto, 1986), a do Alto e do baixo-médio rio Paraná. A formação do reservatório de Itaipu deslocou esta barreira 150 quilômetros abaixo e permitiu uma notável dispersão de espécies do baixo-médio Paraná para os trechos a montante (Agostinho e Júlio Jr., 1999). Júlio-Jr et al. (2009) verificaram que 33 espécies nativas da bacia do baixo rio Paraná já colonizaram com sucesso a porção do Alto rio Paraná após a construção do reservatório de Itaipu.

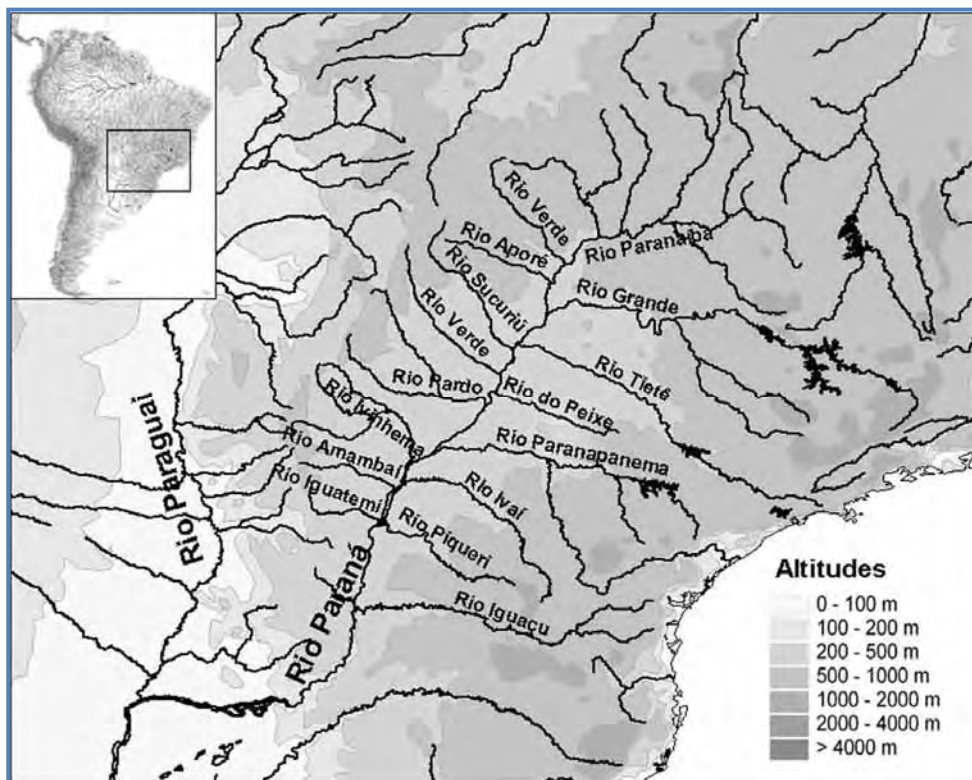


Figura 1: Situação geográfica da bacia do Alto rio Paraná.

Outra característica importante da bacia do Alto rio Paraná é o fato desta sofrer, desde o período Terciário, atividades tectônicas que podem conduzir a eventos de captura de cabeceiras (Ab'Saber, 1998). De fato, eventos de captura de cabeceiras são sugeridos entre a bacia do Alto rio Paraná e as bacias dos rios Paraíba do Sul, Ribeira de Iguape, São Francisco e algumas drenagens litorâneas (Ab'Saber, 1957; Britski et al. 1988; Ab'Saber, 1998; Weitzman e Malabarba, 1999; Britto e Castro, 2002; Ribeiro, 2006; Ribeiro et al., 2006; Serra et al., 2007). Esta característica traz inúmeros impactos em estudos de distribuição de espécies.

A bacia do Alto rio Paraná drena uma área com grandes centros urbanos, industriais e agrícolas e constitui-se na região mais intensivamente explorada do país. Entre as principais bacias hidrográficas da América do Sul, a bacia do Paraná é a que sofreu maior número de represamentos para geração de energia. Existem mais de 130 barragens na bacia, considerando apenas aquelas com alturas superiores a 10 m, que transformaram o rio Paraná e seus principais tributários (Grande, Paranaíba, Tietê, Paranapanema e Iguazu) em uma sucessão de lagos. Assim, mais de 70% da produção hidrelétrica do país é gerada nessa região (Lowe-McConnell, 1999). Este quadro é responsável pelo empobrecimento de sua fauna, constatado nas últimas décadas, particularmente em relação às espécies de peixes de maior porte (Agostinho e Júlio Jr., 1999).

Os levantamentos ictiofaunísticos realizados na bacia do rio Paraná são, como nas outras grandes bacias hidrográficas brasileiras, ainda incompletos. Galves et al. (2009) revisando os estudos sobre a diversidade de peixes para a bacia, identificaram grandes lacunas geográficas nos levantamentos realizados. Os autores verificaram que para as regiões norte (Minas, Goiás e Distrito Federal) e oeste (Mato Grosso do Sul) da bacia do Alto rio Paraná os estudos são escassos ou até mesmo inexistentes.

Além disso, não existe consenso acerca do *status* taxonômico de muitas espécies listadas nestes levantamentos. Segundo Castro e Menezes (1998) a ictiofauna do Alto rio Paraná apresenta aproximadamente 170 espécies, distribuídas em 22 famílias. O trabalho realizado por Agostinho e Júlio Jr. (1999) sugeriu que a ictiofauna da bacia do rio Paraná, em seu trecho brasileiro, seja composta por cerca de 250 espécies. Mais recentemente, Shibatta e Dias (2006), Graça e Pavanelli (2007) e Agostinho (2007) apontam a existência de 248, 182 e 270 espécies para a

bacia, respectivamente. Langeani et al. (2007) citam 310 espécies para a bacia pertencentes à 11 ordens e 38 famílias, aumentando significativamente números anteriores. Destas 236 (76,1%) são autóctones, 67 (21,6%) alóctones e sete (2,3%) exóticas. Segundo os autores, as principais causas de ocorrência de espécies não nativas (alóctones e exóticas) foram a dispersão a partir do baixo Paraná, após a construção do reservatório de Itaipu e o escape de pisciculturas. Além dessas espécies, os autores ainda levantaram a existência de 50 espécies novas já reconhecidas e que estavam em fase de descrição. Nesse contexto, outros autores também tem relatado a presença de novas espécies em seus levantamentos. Por exemplo, Castro et al. (2003, 2004 e 2005), em seus levantamentos, identificaram 6%, 10% e 15% de espécies novas para as bacias dos rios Paranapanema, Grande e Paraná, respectivamente e Galves et al. (2007), inventariando as espécies do rio Taquara (bacia do rio Tibagi, Paraná), identificaram aproximadamente 10% de novas espécies.

Nota-se que o número de espécies de peixes para a bacia do Alto rio Paraná ainda permanece incerto. Levantamentos mais detalhados desta ictiofauna, principalmente nos pequenos riachos, regiões de cabeceira e regiões pouco ou nada exploradas aumentarão sobremaneira o número de espécies para a região. Somado a isso, o fato desta bacia estar inserida dentro da região mais urbanizada e explorada do país, com um índice de degradação ambiental elevado, os estudos nessa região tornam-se altamente relevantes para fins de conhecimento, preservação e conservação da ictiofauna antes que muita dessa diversidade seja perdida antes mesmo de ser conhecida.

O Anexo 1 apresenta uma síntese dos trabalhos de levantamento ictiofaunísticos para a bacia do Alto rio Paraná.

Objetivos

2. OBJETIVOS

Considerando os dados bastante promissores já obtidos na identificação das espécies de diversos grupos animais com o uso da metodologia *barcode*, a ampla diversidade de peixes da bacia do Alto rio Paraná e o escasso conhecimento que se tem sobre essa importante fauna de peixes, a qual vem sofrendo um acentuado impacto ambiental ao longo de sua história, o presente projeto teve por objetivos gerais:

- 1 - Realizar o sequenciamento de segmentos parciais do gene mitocondrial *COI* para o maior número possível de espécies de peixes encontradas na bacia do Alto rio Paraná.
- 2 - Avaliar a capacidade das sequências *barcode* (*COI*) em discriminar as diferentes espécies presentes nessa bacia hidrográfica.
- 3 - Analisar, detalhadamente, os casos de possíveis espécies crípticas procurando expandir o conhecimento sobre a fauna de peixes do Alto rio Paraná.
- 4 – Depositar junto ao banco de dados BOLD as sequências obtidas para tornar disponível o sistema de identificação molecular (DNA *barcode*) para os peixes da bacia do Alto rio Paraná.

*Material e
Métodos*

3. METODOLOGIA

3.1. Material

Foram utilizados, prioritariamente, os exemplares de peixes pertencentes à bacia hidrográfica do Alto rio Paraná disponíveis na coleção de peixes e tecidos do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes (LBP) da UNESP, Botucatu, credenciada no Ministério do Meio Ambiente como Fiel Depositária de Amostras do Patrimônio Genético.

Para a obtenção das espécies ainda faltantes, foram realizadas aproximadamente 30 expedições de coleta no período de 2007 a 2010. Os exemplares coletados tiveram uma amostra de tecido extraída para estudos moleculares, a qual foi preservada em etanol absoluto e estão mantidas sob refrigeração a -20°C. Posteriormente, os exemplares foram fixados em solução de formol 10% e preservados em álcool 70%. Alguns exemplares foram fixados inteiros para a realização de estudos morfológicos. Todos os peixes coletados foram depositados na coleção do LBP da UNESP - Botucatu.

A identificação dos exemplares obtidos foi realizada por meio de chaves de identificação e sempre que possível, com o auxílio de especialistas.

3.2. Métodos

Os procedimentos para a obtenção das sequências de DNA *barcode* foram realizados no LBP (UNESP – Botucatu) e no *Canadian Centre for DNA Barcoding* (CCDB) (Canadá), os quais são descritos abaixo.

3.2.1. Extração de DNA genômico

O DNA total foi obtido a partir de amostras de músculo ou nadadeiras preservadas em etanol absoluto, seguindo diferentes metodologias.

No LBP o DNA total foi obtido com o uso do Kit Comercial “*DNeasy Tissue Kit*” (Qiagen Peqlab) seguindo as indicações do fabricante e através do método por

tampão de extração descrito por Aljanabi e Martinez (2001), com modificações, o qual é descrito a seguir:

1. Em um cadinho, dissociar a amostra em 290 μ l de tampão de extração (30 mM Tris-HCl, 10 mM EDTA, 1% SDS) e transferir a solução obtida para um tubo de PCR de 1,5 ml.
2. Adicionar 10 μ l de proteinase K (10 mg/ml) e deixar em banho-maria (55°C) de 2 a 3 horas, vertendo-os esporadicamente.
3. Adicionar 100 μ l de solução de NaCl 5M e misturar bem vertendo o tubo vagorosamente.
4. Centrifugar a 10.000 rpm por 10 minutos à temperatura ambiente.
5. Remover 300 μ l do sobrenadante e transferir para um novo tubo de 1,5 ml.
6. Adicionar 600 μ l de etanol 100% gelado.
7. Deixar no ultrafreezer (-70°C) por 20 minutos.
8. Centrifugar a 14.000 rpm por 30 minutos a 4°C.
9. Remover o sobrenadante.
10. Secar bem (pode deixar em estufa a 37°C por até 30 minutos ou então *overnight* em temperatura ambiente).
11. Adicionar 200 μ l de água ultrapura autoclavada. Deixar à temperatura ambiente ou na geladeira por pelo menos 24 horas para hidratação.
12. Aliquotar o DNA e guardar cerca de 150 μ l no freezer (-20°C) para solução estoque e o restante na geladeira (4°C) para a solução de trabalho.

No CCDB o DNA total foi obtido seguindo o protocolo padrão descrito por Hajibabaei et al. (2005) e Ivanova et al. (2006) o qual consiste na digestão total do tecido com tampão para extração acrescido da enzima proteinase K acondicionados em estufa a 56°C por 12 horas. Após a digestão, a extração de DNA foi processada automaticamente na estação de extração “*Biomek NX liquid-handling*” (Beckman-Coulter) seguindo o protocolo descrito em Ivanova et al. (2006).

3.2.2. Amplificação das sequências *barcode*

Os segmentos do gene Citocromo Oxidase *c* subunidade I (*COI*), correspondente ao *barcode* foram obtidos por diferentes combinações de *primers*, os

quais são apresentados na Tabela 1. Adicionalmente, para os espécimes de *Piabina* foram obtidas as sequências do gene *CytB*.

Tabela 1: Conjuntos de *primers* utilizados na amplificação do seguimento do gene *COI* referente a sequência *barcode*.

FishF1	5'-TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3'	Ward et al. (2005)
FishF2	5'-TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3'	
FishR1	5'-TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3'	
FishR2	5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3'	
L6252-Asn	5'-AAGGCGGGGAAAGCCCCGGCAG-3'	Oliveira, C. presente trabalho
H7271-COXI	5'-TCCTATGTAGCCGAATGGTTCTTTT-3'	
C_FishF1t1/ C_FishR1t1	5'-GTAAAACGACGGCCAGTCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC-3' 5'-TGTAACGACGGCCAGTCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3' 5'-CAGGAAACAGCTATGACACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3' 5'-CAGGAAACAGCTATGACACCTCAGGGTGTCGAARAAYCARAA-3'	Ivanova et al. (2007)
*M13F (-21)	5'-TGTAACGACGGCCAGT-3'	Messing (1983)
M13R (-27)	5'-CAGGAAACAGCTATGAC-3'	
**CytB-F CytB-R	5'GACTTGAAAAACCAAYCGTTGT3' 5'GCTTTGGGAGTTAGDGGTGGGAGTTAGAATC3'	Oliveira, C. presente trabalho

* Conjunto de *primers* utilizados apenas nas PCRs de sequenciamento dos fragmentos amplificados pelo conjunto de *primers* desenvolvidos por Ivanova et al. (2007). ** Conjunto de *primers* utilizados na amplificação do gene *CytB* nos espécimes de *Piabina*.

Para o gene *COI* a amplificação foi efetuada em um termociclador (Veriti® 96-Well Thermal Cycler, Applied Biosystems) utilizando-se 12,5 µl de uma solução contendo 8,50 µl de água ultrapura (milli-Q), 0,4 µl de dNTP (2 mM), 1,25 µl de tampão 10X, 0,3 µl de cada *primer* (10 µM), 0,7 µl de MgCl₂ (50 mM), 0,05 µl de DNA polimerase (5 unidades) e 1,0 µl de DNA molde. As condições de amplificação consistiram em um passo inicial de desnaturação a 95°C por 2 minutos, seguidos de 35 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento a 54°C por 30 segundos e extensão a 72°C por 1 minuto, seguido de um passo final de extensão a 72°C por 10 minutos.

Para o gene *CytB* a solução de reação seguiu os mesmos parâmetros para o gene *COI*. As condições de amplificação consistiram em um passo inicial de desnaturação à 95°C por 5 minutos, seguidos de 2 ciclos de desnaturação 95°C por 30 segundos, anelamento à 55°C por 45 segundos, e extensão à 72°C por 1 minuto; 2 ciclos de desnaturação à 95°C por 30 segundos, anelamento à 50°C por 45

segundos, e extensão à 72°C por 60 segundos; 2 ciclos de desnaturação à 95°C por 30 segundos, anelamento à 48°C por 45 segundos, e extensão à 72°C por 60 segundos; 25 ciclos de desnaturação à 95°C por 30 segundos, anelamento à 50°C por 45 segundos, e extensão à 72°C por 60 segundos, e um passo final de extensão à 72°C por 5 minutos.

Os segmentos de DNA amplificados foram visualizados em gel de agarose 1%.

3.2.3. Purificação das amostras amplificadas

Após checagem da amplificação, os produtos da PCR foram purificados com o kit “*ExoSap-IT[®]*” (USB Corporation) seguindo as recomendações do fabricante com algumas alterações. Em um tubo para PCR (0,2 ml) foram colocados 5,0 µl do DNA amplificado juntamente com 2,0 µl da solução de ExoSap (0,13 µl de ExoSap + 1,87 µl de água ultrapura). A mistura foi encubada em termociclador por 1 hora a 37 °C seguida de 15 minutos à 80°C.

3.2.4. PCR de sequenciamento

Para a PCR de sequenciamento foi utilizado o Kit “*Big DyeTM Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction*” (Applied Biosystems, Inc.). Foi montada uma reação com 7 µl de volume final contendo: 1,4 µl de DNA (produto amplificado e purificado), 0,35 µl de *primer* (10 uM), 0,7 µl de solução Pré-Mix (kit BigDye), 1,05 µl de Tampão 5X (kit BigDye) e 3,5 µl de água ultrapura autoclavada. A reação foi submetida ao processo de amplificação em um termociclador seguindo as seguintes condições de amplificação: 2 minutos de desnaturação inicial a 96°C seguidos 35 ciclos de desnaturação a 96°C por 30 segundos, anelamento a 50°C por 15 segundos e extensão a 60°C por 4 minutos. Os conjuntos de *primers* utilizados na PCR de sequenciamento são os mesmos apresentados na Tabela 1, com exceção dos espécimes amplificados com os *primers* desenvolvidos por Ivanova et al. (2007), os quais foram amplificados com o conjunto de *primers* universal M13F/M13R (Messing, 1983) de acordo com o protocolo sugerido pelos autores.

3.2.5. Limpeza da PCR de sequenciamento

Após a amplificação, os seguimentos de DNA a serem sequenciados foram submetidos a um protocolo de limpeza para a eliminação de excessos de reagentes seguindo os passos descritos abaixo:

1. Adicionar 0,7 µl de EDTA (125 mM);
2. Adicionar 0,7 µl de Acetato de Sódio (3 M)
3. Homogeneizar e centrifugar brevemente;
4. Adicionar 17,5 µl de etanol 100%;
5. Incubar por 15 minutos a temperatura ambiente;
6. Centrifugar por 15 minutos a 13.000 rpm à 25°C;
7. Descartar o etanol e secar em papel toalha;
8. Adicionar 24,5 µl de etanol 70% gelado;
9. Centrifugar por 10 minutos a 13.000 rpm à 20°C;
10. Descartar o etanol e secar em papel toalha;
11. Repetir os passos de 8 a 10 (lavagem com etanol 70%);
12. Secar em termociclador por 2 minutos a 96°C sem tampa e com o termociclador aberto;
13. Guardar os tubos, já secos, no freezer à 4°C envolto em papel alumínio, até o momento do sequenciamento;

3.2.6. Sequenciamento de DNA

No LBP as amostras foram sequenciadas no sequenciador automático ABI 3130 DNA Analyzer (Perking-Elmer). No CCDB as amostras foram sequenciadas no sequenciador automático ABI 3730 DNA Analyzer (Perking-Elmer).

3.2.7. Análise dos dados

As sequências obtidas foram editadas através do programa SeqScape v.2.6 (Applied Biosystems, Inc.) para a obtenção das sequências consenso e verificação da presença de inserções, deleções e/ou códons de parada (*stop codons*). Para a

verificação de contaminantes (DNA exógeno), quando necessário, as sequências foram submetidas ao programa *BLAST* disponível no sítio do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

As sequências foram alinhadas usando-se o editor ClustalW (Thompson *et al.*, 1997) acoplado ao programa DAMBE (Xia e Xie, 2001) e a ferramenta de alinhamento disponível no BOLD v2.5 (<http://www.barcodinglife.org>).

Para a delimitação e identificação das espécies foram aplicadas três abordagens de análises distintas.

A abordagem por distância genética foi realizada seguindo as recomendações do BOLD. Os valores de distâncias genéticas intra e interespecíficas foram calculados, utilizando-se o modelo de substituição Kimura-2-parameter (K2P) (Kimura, 1980), com as ferramentas disponíveis no BOLD e o programa MEGA v.4.0 (Tamura *et al.*, 2007). Estas mesmas ferramentas foram utilizadas na construção de dendrogramas baseados no método de *Neighbor-Joining* (NJ) para se obter uma representação gráfica do padrão de distribuição da divergência genética K2P obtida. A delimitação das espécies foi realizada utilizando 2% como valor de corte. Gráficos com a distribuição dos valores de divergência genética foram obtidos utilizando-se as ferramentas de análise disponíveis no BOLD.

Na abordagem pela busca de monofiletismo recíproco foram utilizados os dendrogramas baseados nos valores de divergência genética K2P e construídos segundo o modelo de NJ obtidos com o programa MEGA v.4.0 (Tamura *et al.*, 2007) e as ferramentas disponíveis no *site* do BOLD. Testes *bootstrap* com 1.000 pseudoréplicas (Felsenstein, 1985) foram realizados no programa MEGA v.4.0 (Tamura *et al.*, 2007) para testar a robustez dos agrupamentos de espécies formados.

A abordagem baseada em caracteres diagnósticos, aqui denominada de “nucleotídeos diagnósticos” (ND), foi realizada seguindo os seguintes passos: após a identificação dos pares de espécies com divergência genética K2P menores que 2%, novas matrizes de dados foram geradas contendo as sequências *barcode* de todos os representantes destas espécies. Essa matriz de dados foi alinhada usando-se o editor ClustalW (Thompson *et al.*, 1997) acoplado ao programa DAMBE (Xia e Xie, 2001) e convertida em formato Nexus no programa DAMBE (Xia e Xie, 2001). Após o alinhamento, a matriz foi submetida à análise no programa WinClada (Nixon, 1999)

para a obtenção de árvores baseadas no método de máxima-parcimônia que serviram de guias na obtenção dos nucleotídeos diagnósticos. Após isso, a matriz de dados foi aberta no programa BioEdit (Hall, 1999) e, usando as ferramentas de edição disponíveis no programa e a árvore guia gerada, os nucleotídeos diagnósticos foram identificados manualmente para cada par de espécies analisada. A posição de cada nucleotídeo diagnóstico foi definida utilizando como referência a sequência completa do gene *COI* da espécie *Chalceus macrolepidotus* disponível no GenBank sob número AB054130.1. Figuras foram geradas utilizando-se editores de imagens para se obter uma representação gráfica dos conjuntos de caracteres diagnósticos para cada par ou conjunto de espécies. As espécies de um mesmo gênero que apresentaram valores de divergência genética menores que 2% para mais de um par de espécies foram analisadas em conjunto para se obter o total de nucleotídeos diagnósticos para todo o grupo. Foram considerados apenas os nucleotídeos diagnósticos puros (Sarkar et al., 2002), aqueles exclusivos da espécies nas análises.

Para as espécies do gênero *Piabina* foram obtidos alguns parâmetros populacionais. O índice F_{ST} foi obtido com o programa Arlequin v.3.11 (Excoffier et al., 2005). A rede de haplótipos foi obtida pelo método de Templeton et al. (1992) com o programa TCS v.1.21 (Clement et al., 2000) com intervalo de confiança de 90%. A análise foi conduzida com a opção “*fix connection limit at*” para obter o número de passos mutacionais necessários para conectar os haplótipos. Foram construídas também árvores pelo método de máxima-parcimônia (MP) com o programa MEGA v.4.0 (Tamura et al., 2007), testadas pelo método de *bootstrap* com 1.000 pseudoréplicas (Felsenstein, 1985).

Todas as sequências obtidas, bem como os dados de coleta e depósito dos exemplares (*voucher*), dados sobre a amplificação e sequenciamento e os eletroferogramas foram depositadas no banco de dados BOLD dentro do projeto *Fishes from Upper Paraná Basin* (FUPR) seguindo as recomendações do *site* (Ratnasingham e Hebert, 2007). Após o depósito no BOLD e validação das sequências *barcode*, as mesmas foram depositadas no *GenBank*.

Resultados

4. RESULTADOS

Os levantamentos ictiofaunísticos referentes à bacia do Alto rio Paraná apontam a ocorrência de 346 espécies (Anexo 1). Destas, 202 (58%) foram obtidas e analisadas no presente trabalho, além de 12 espécies não citadas nos levantamentos disponíveis e 42 espécies identificadas até o nível de gênero, totalizando 256 espécies (74% do número de espécies atribuídas à bacia). As espécies analisadas pertencem à 10 ordens, 33 famílias e 89 gêneros (Anexo 1).

O número de espécimes analisados foi de 1360, variando de um a 70 indivíduos por espécie, com valor médio de 5,3 (Anexo 2). Para 55% (140) das espécies foram analisados pelo menos cinco indivíduos de acordo com as recomendações do CBOL. O mapa da Figura 2 mostra a distribuição geográfica dos espécimes analisados.

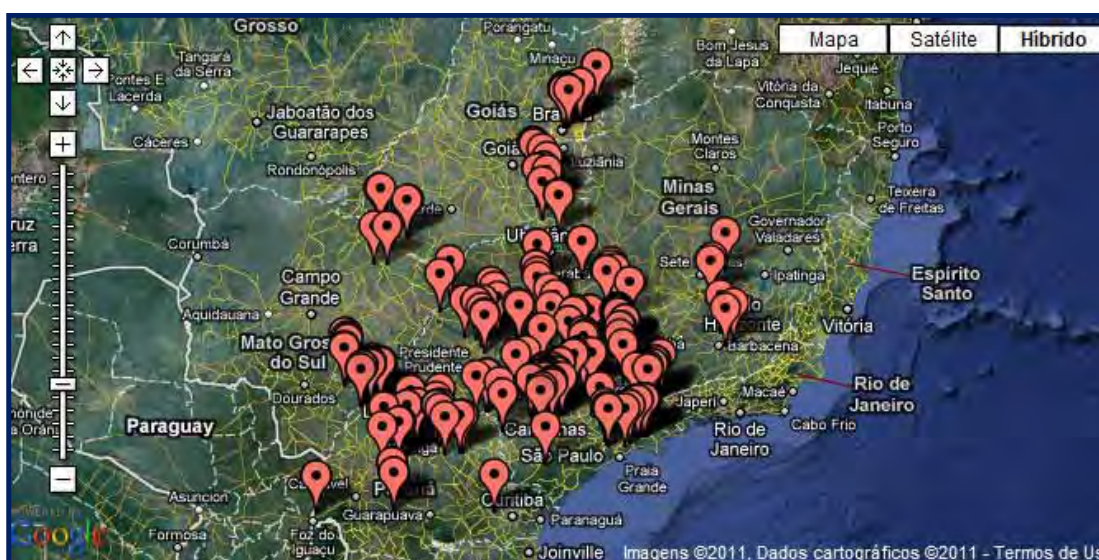


Figura 2: Mapa mostrando a distribuição dos 1360 exemplares de peixes analisados. Cada ponto pode representar mais de um lote.

As sequências *barcode* obtidas apresentaram tamanhos que variaram de 429 a 809 pb, com valor médio de 680 pb. Apenas quatro sequências tiveram um tamanho final menor que 500 pb, o qual é exigido para a validação da sequência *barcode*. Porém, esses casos pertencem a espécies representadas por outros indivíduos para os quais foram obtidas sequências de DNA maiores que 500 pb.

Desta forma todas as espécies analisadas possuem sua sequência *barcode* validada junto ao BOLD.

Aproximadamente 1% das sequências apresentou algum tipo de DNA contaminante e foram re-obtidas. Nenhuma sequência apresentou inserções e/ou deleções, bem como códons de parada (*stop codons*), condizentes com o fato de representarem uma sequência codificante. Todas as sequências passaram pelos testes de qualidade aplicados pelo BOLD, confirmando a confiabilidade das mesmas.

As divergências genéticas intra e interespecíficas (apenas congêneres) variaram de 0 a 8,5% (média = 1,3%) e de 0 a 24,8% (média = 7,2%), respectivamente (Tabela 2). Aproximadamente 54% dos valores de divergência genética intra-específica foram menores que 1%, e 79% foram menores que 2%. Porém, 11% das comparações entre espécies de um mesmo gênero apresentaram valores menores de 2% (Figura 3). Os valores de divergência genética encontrados entre gêneros de uma mesma família e entre famílias de uma mesma ordem são apresentados na Tabela 2. Os gráficos da Figura 3 mostram a distribuição dos valores de divergência genética dentro de cada categoria. Esses resultados mostram que houve sobreposição entre os valores de distância genética intra e interespecífica.

Tabela 2: Valores de divergência genética (%) encontrados para o conjunto de 1360 espécimes analisados.

	<i>N</i>	Táxons	Comparações	Mín.	Méd.	Máx	Desvio-padrão
Dentro das espécies	1330	229	7815	0	1,3	8,5	0,02
Entre espécies de um mesmo gênero	1354	121	19705	0	7,1	24,9	0,04
Entre gêneros de uma mesma família	1360	33	122906	1,4	20,1	31,5	0,01
Entre famílias de uma mesma ordem	-	-	184686	15,2	23,4	33,4	0,01

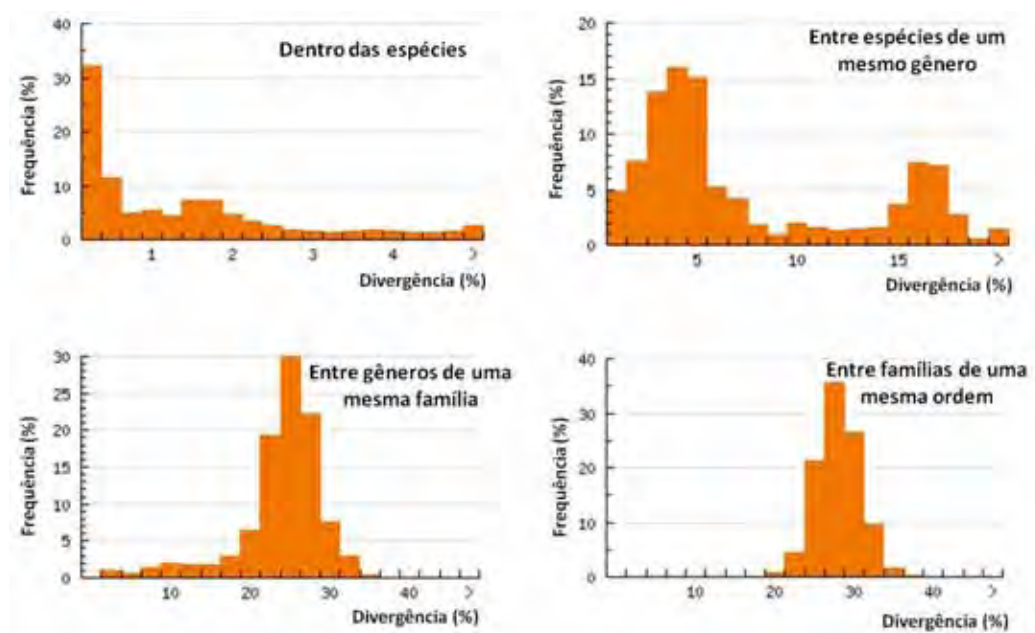


Figura 3: Distribuição dos valores de divergência genética para os 1360 espécimes analisados em diferentes categorias taxonômicas.

A análise de *Nearest Neighbor Distance* (NND), ou seja, a “busca do vizinho mais próximo”, implementada no BOLD, verifica as distâncias genéticas mínimas entre pares de espécies congêneres e não congêneres. A análise de NND revelou que 87% das médias de variação genética intra-específica estão abaixo de 1% (Figura 4). Porém, aproximadamente 24% das espécies apresentaram menos de 2% de divergência genética para a sua espécie mais próxima (média = 8%) (Figura 4).

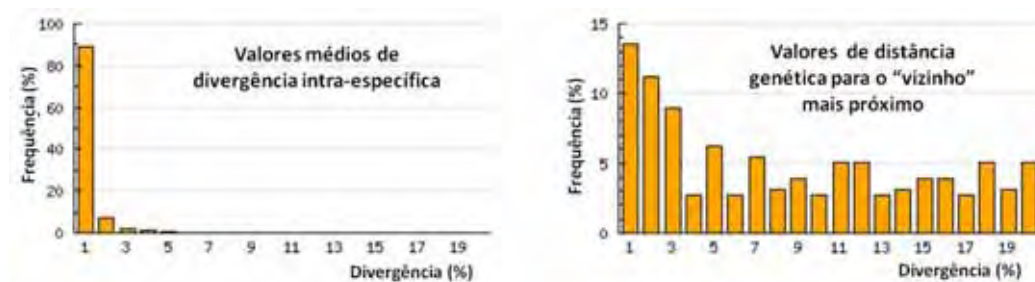


Figura 4: Valores de divergência genética obtidos na análise por NND para os 1360 espécimes analisados.

Utilizando 2% como valor de corte nas comparações interespecíficas para a delimitação de espécies, 191 espécies analisadas (75%) foram identificadas corretamente (Anexo 3). 31 pares de espécies (46 espécies) e as 19 espécies do gênero *Hypostomus* (totalizando 65) apresentaram valores interespecíficos menores que 2% (Tabela 3), não podendo ser identificadas prontamente por essa abordagem (Anexo 3 – em azul). Destas, 40 espécies apresentaram monofiletismo recíproco nas análises por NJ formando grupos distinguíveis com altos valores de suporte estatístico, podendo assim ser identificadas (Anexo 3 – em azul e Figura 5). Considerando ambas as abordagens, o sucesso de identificação das espécies por DNA *barcode* foi de 90% (231 espécies).

Tabela 3: Pares de espécies que apresentaram valores médios de divergência genética menores que 2%.

Pares de Espécies		Divergência (%)
<i>*Leporinus octofasciatus</i>	<i>Leporinus paranensis</i>	0,1
<i>*Astyanax biotae</i>	<i>Astyanax fasciatus</i>	0,2
<i>*Astyanax schubarti</i>	<i>Astyanax trierythropterus</i>	0
<i>Astyanax bockmanni</i>	<i>Astyanax Paranae</i>	0,4
<i>Hyphessobrycon sp1</i>	<i>Astyanax bockmanni</i>	1,4
<i>Piabina anhembí</i>	<i>Piabina argentea</i>	1,9
<i>Serrapinnus notomelas</i>	<i>Serrapinnus sp1</i>	1,3
<i>Characidium aff. Zebra</i>	<i>Characidium xanthopterus</i>	0,9
<i>Steindachnerina brevipinna</i>	<i>Steindachnerina insculpta</i>	0,9
<i>Cichla kelberi</i>	<i>Cichla piquiti</i>	1,8
<i>Potamotrygon falkneri</i>	<i>Potamotrygon motoro</i>	1,3
<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	<i>Rhamdella longipinnis</i>	1,7
<i>Pimelodella meeki</i>	<i>Pimelodella sp1</i>	1,8
<i>Corumbataia britskii</i>	<i>Corumbataia cuestae</i>	1,3
<i>Neoplecostomus paranensis</i>	<i>Neoplecostomus sp1</i>	1,0
<i>Neoplecostomus selenae</i>	<i>Neoplecostomus sp11</i>	0,9
<i>Neoplecostomus sp.</i>	<i>Neoplecostomus sp4</i>	1,6
<i>Neoplecostomus sp10</i>	<i>Neoplecostomus sp6</i>	1,4
<i>Neoplecostomus sp11</i>	<i>Neoplecostomus selenae</i>	0,9
<i>Neoplecostomus sp1</i>	<i>Neoplecostomus sp3</i>	0,7
<i>Neoplecostomus sp2</i>	<i>Neoplecostomus sp1</i>	1,5
<i>Neoplecostomus sp3</i>	<i>Neoplecostomus sp4</i>	0,5
<i>Neoplecostomus sp5</i>	<i>Neoplecostomus sp6</i>	1,4
<i>Neoplecostomus sp6</i>	<i>Neoplecostomus sp1</i>	1,0
<i>Neoplecostomus sp7</i>	<i>Neoplecostomus sp8</i>	1,7
<i>Neoplecostomus sp8</i>	<i>Neoplecostomus sp3</i>	1,0

<i>Neoplecostomus sp9</i>	<i>Neoplecostomus sp10</i>	1,5
<i>Trichomycterus brasiliensis</i>	<i>Trichomycterus mimonha</i>	1,9
<i>Trichomycterus mimonha</i>	<i>Trichomycterus vermiculatus</i>	1,2
<i>Trichomycterus sp1</i>	<i>Trichomycterus mimonha</i>	1,7
<i>Trichomycterus sp3</i>	<i>Trichomycterus mimonha</i>	1,9

*Em negrito, pares de espécies que não puderam ser identificadas.

15 espécies (6%) apresentaram divergências genéticas intra-específicas maiores que 2% com valores médios variando de 1,1% a 4,7% (Tabela 4). Na análise por NJ essas espécies apresentaram-se divididas em dois ou mais grupos (Anexo 3 – em verde). Esses casos são responsáveis por elevar o valor médio de divergência genética intra-específica observado para o conjunto de dados (1,3% - Tabela 2).

Tabela 4: Espécies que apresentaram valores de divergência genética entre espécimes maiores que 2%. As colunas 2, 3 e 4 apresentam os valores mínimos, médios e máximos de divergência genética entre os espécimes. A coluna 5 apresenta o número de subgrupos formados. A coluna 6 apresenta os valores de divergência genética entre os subgrupos formados e a coluna 7 apresenta os valores médios de divergência genética dentro de cada subgrupo.

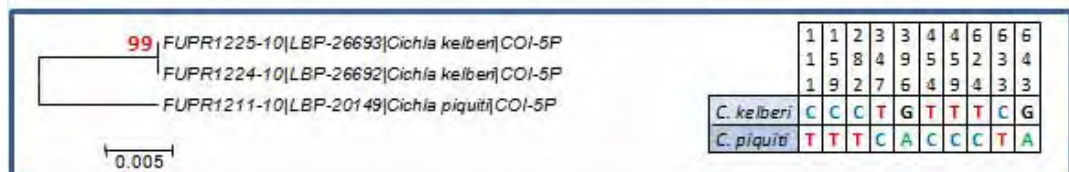
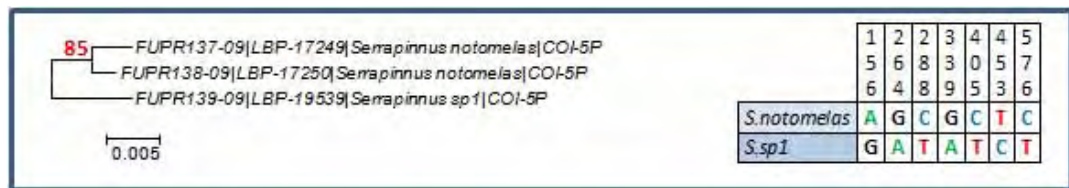
Espécies	Divergência intra-específica			N° de Grupos	Divergência entre grupos (%)	Divergência dentro dos grupos (%)
	Mín.	Méd.	Máx			
<i>Ancistrus cirrhosus</i>	1,7	2,1	2,4	3	1,7 a 2,4	-
<i>Astyanax altiparanae</i>	0	1,4	3,6	2	2,6	0,6
<i>Astyanax fasciatus</i>	0	1,1	2,6	5	0,8 a 2,0	0,2 a 0,6
<i>Astyanax paranae</i>	0	1,4	3,2	5	0,5 a 2,8	0,1
<i>Bryconamericus exodon</i>	0	1,2	2,2	3	1,8	0,2 a 0,8
<i>Hoplias intermedius</i>	-	4,0	-	2	4,0	-
<i>Iheringichthys labrosus</i>	0	1,2	2,6	2	2,5	0,3
<i>Leporinus amblyrhynchus</i>	0,4	1,2	2,2	2	2,0	0,5
<i>Leporinus paranensis</i>	0	2,1	4,3	2	3,6	0,2 a 0,7
<i>Oligosarcus paranensis</i>	0	1,4	2,3	3	2,6 a 2,1	0,1 a 0,6
<i>Phalloceros harpagos</i>	0	1,2	2,2	3	1,7 a 2,2	0 a 0,05
<i>Piabina argentea</i>	0	3,1	6,1	6	2,0 a 5,6	0 a 0,9
<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>	-	3,1	-	2	3,1	-
<i>Rineloricaria latirostris</i>	0	4,6	7,3	2	7,3	0 a 0,6
<i>Synbranchus marmoratus</i>	0	4,7	8,5	3	2,9 a 8,0	0

4.1. Casos de divergência genética interespecíficas menores que 2%

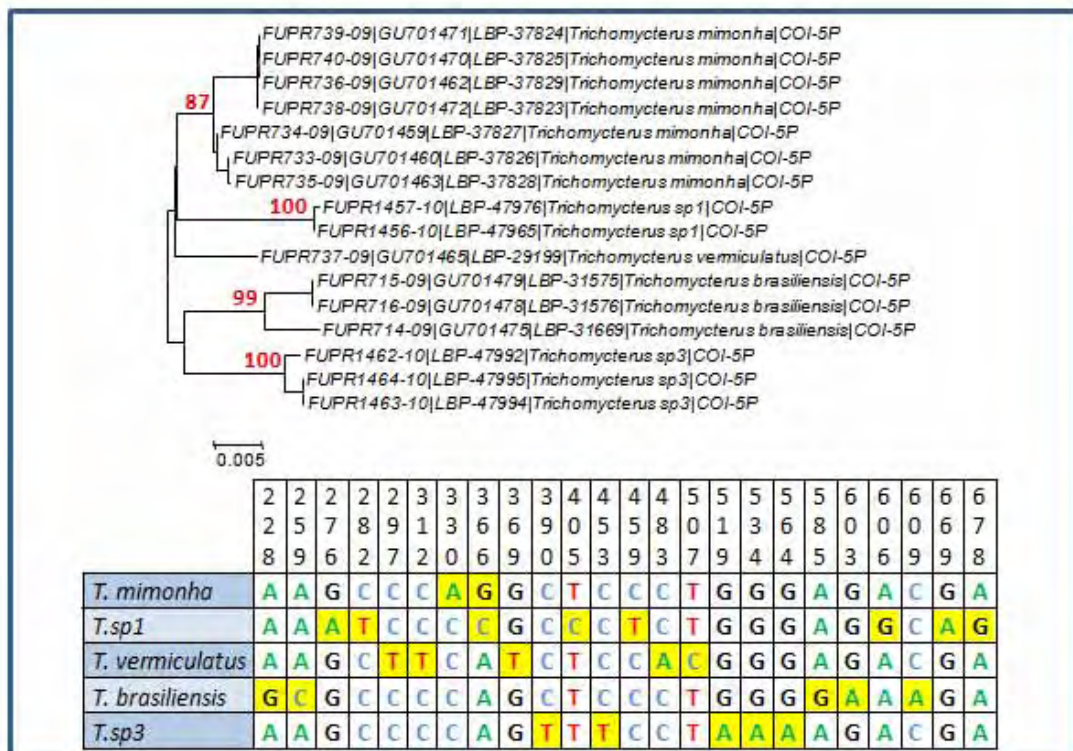
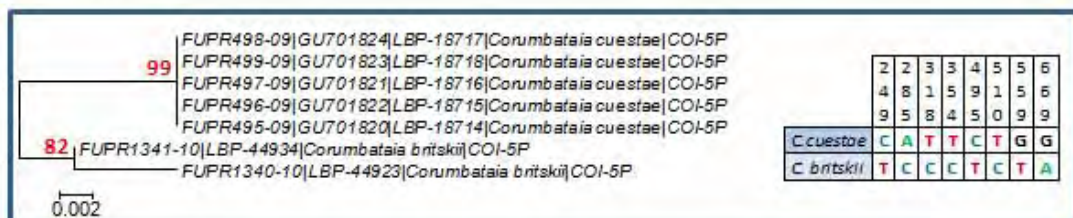
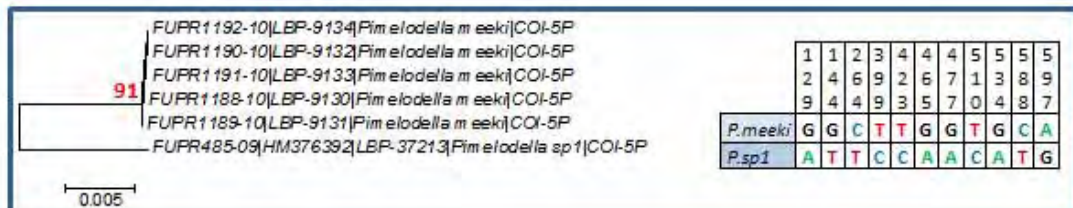
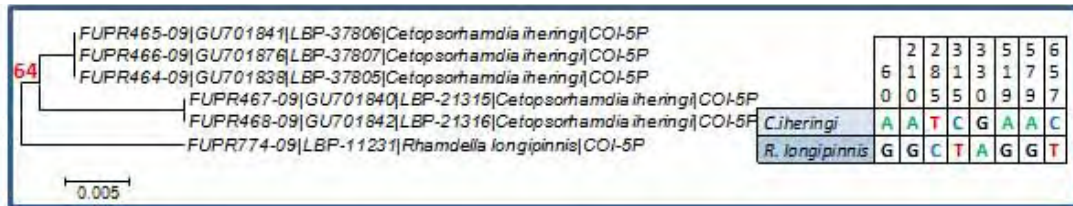
As comparações interespecíficas revelaram que 31 pares de espécies e as 19 espécies do gênero *Hypostomus* apresentaram valores de divergência genética menores que 2%, as quais não puderam ser discriminadas por esta abordagem (Tabela 3). No entanto, 40 destas espécies formaram grupos monofiléticos recíprocos nas análises de NJ com altos valores de suporte estatístico indicando existir um conjunto de caracteres exclusivos que permitem distingui-las umas das outras (Anexo 3 – em azul e Figura 5). As demais espécies formaram agrupamentos parafiléticos demonstrando a grande similaridade entre suas sequências.

Esses casos foram submetidos à abordagem de busca por nucleotídeos diagnósticos (ND) para verificar se tais nucleotídeos permitiriam sua discriminação. Os espécimes do gênero *Hypostomus* foram excluídos desta análise por apresentarem, possivelmente, erros de identificação no nível específico, necessitando de ampla revisão taxonômica junto a especialistas antes que novas análises sejam realizadas. As espécies do gênero *Astyanax* foram analisadas segundo esta abordagem e os resultados são apresentados em um tópico específico.

A análise de ND revelou a presença de nucleotídeos diagnósticos para a maioria dos pares de espécies analisados com exceção dos pares *Leporinus octofasciatus*/*L. paranensis*; *Astyanax biotae*/*A. fasciatus* e *A. schubarti*/*A. trierythropterus*. O número de nucleotídeos diagnósticos variou de 1 a 11 (Figura 5).



Continua...

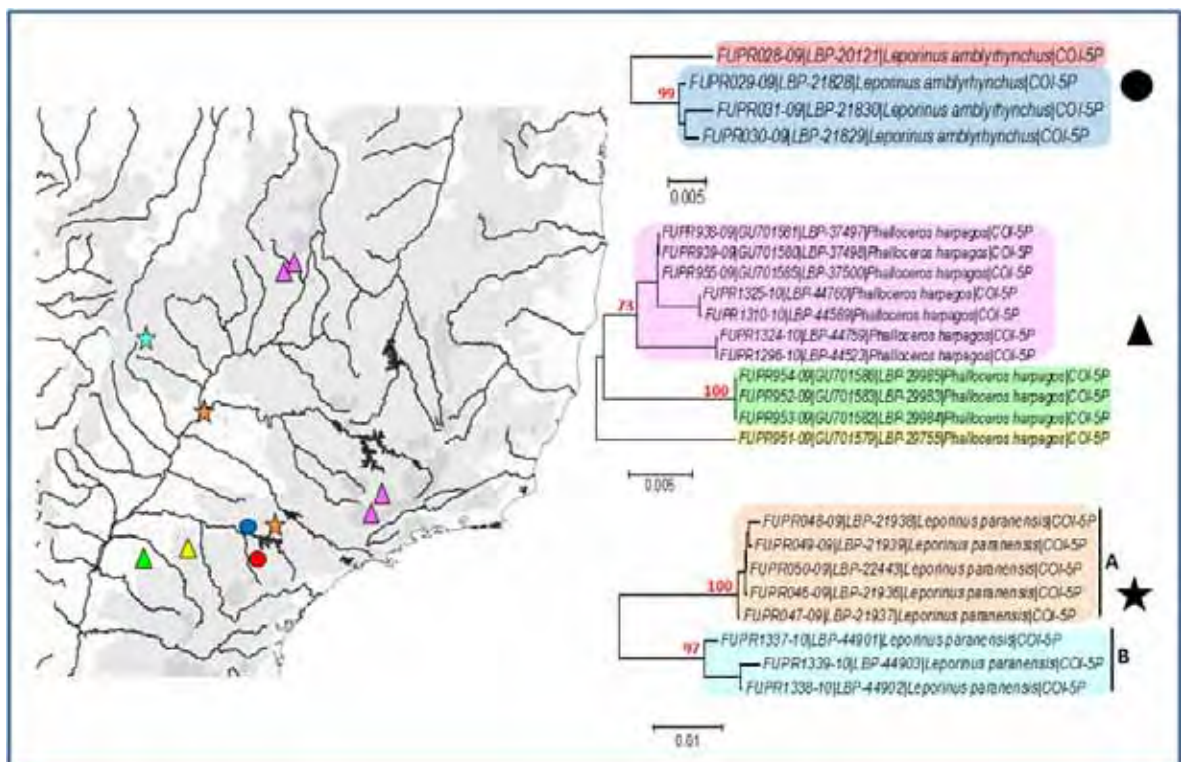
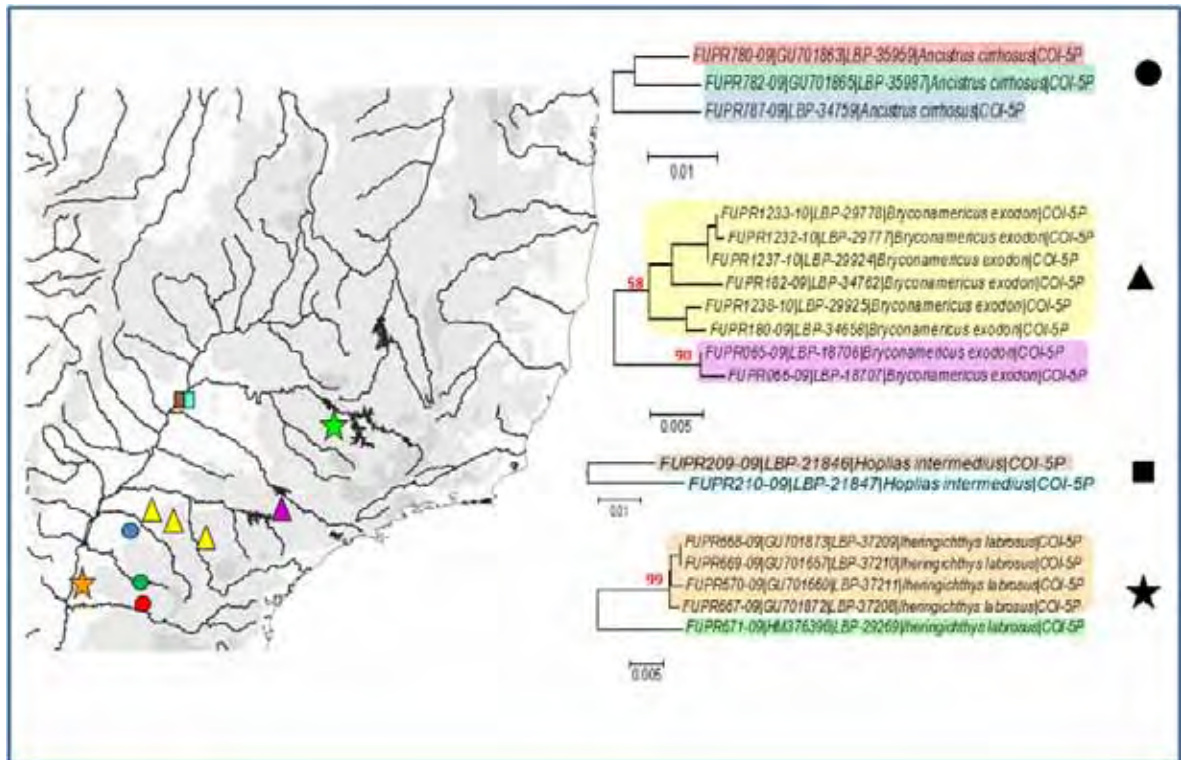


Continua...

4.2. Casos com divergências genéticas intra-específicas maiores que 2%

15 espécies (6%) apresentaram divergência genética intra-específica maior que 2%, com valores médios variando de 1,1% a 4,7% (Tabela 4). Na análise por NJ essas espécies apresentaram-se divididas em dois ou mais subgrupos (2 a 6) com elevado suporte estatístico (Figura 6 e Anexo 3 – em verde). A divergência genética dentro de cada subgrupo variou de 0 a 0,9% contra 0,5% a 8% quando comparadas as divergências entre eles (Tabela 4). A maioria das comparações entre subgrupos (9 espécies) apresentou valores de divergência próximos ao valor de corte adotado (2%).

Foram gerados mapas de todas essas espécies para se verificar o padrão de distribuição geográfica dos subgrupos formados (Figura 6). 13 espécies apresentaram um padrão de distribuição alopátrico para seus subgrupos, com cada linhagem ocorrendo em sub-bacias diferentes e, duas espécies apresentaram padrão de distribuição simpátrica para suas linhagens. Resultados mais detalhados para a espécie *P. argentea* e para as espécies do gênero *Astyanax* são apresentados em tópicos específicos.



Continua...

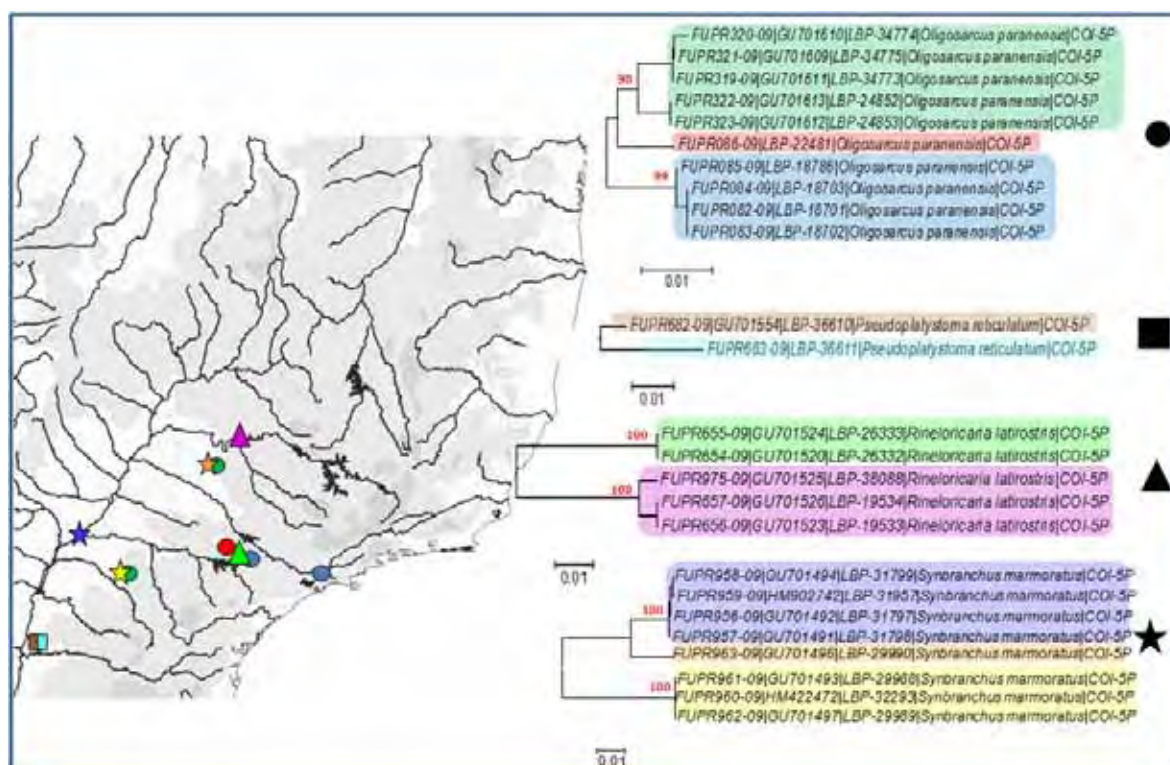


Figura 6: Mapas mostrando a distribuição dos subgrupos formados para cada espécie que apresentou valores de divergência genética intra-específica maiores que 2%. Os símbolos correspondem às espécies. As cores correspondem aos subgrupos no dendrograma. No dendrograma, os valores nos nós = análise de *bootstrap* (1000 pseudo-réplicas).

4.3. Casos específicos

4.3.1. *Piabina argentea*

Foram analisados 58 espécimes do gênero *Piabina* (53 *P. argentea* e cinco *P. anhembi*) provenientes de diferentes localidades da bacia hidrográfica do Alto rio Paraná e (Anexo 2) cinco espécimes provenientes da bacia do rio São Francisco (localidade tipo para a espécie) (Anexo 2). Foram incluídos nas análises dois espécimes do gênero *Creagrutus* (gênero irmão de *Piabina*), provenientes da bacia do rio Paraguai que foram usados como grupo externo.

Além da sequência de DNA do gene *COI*, foi obtida também a sequência de DNA do gene mitocondrial Citocromo Oxidase B (*CytB*) para verificar se este gene corroboraria os dados obtidos com o gene *COI*.

As sequências de DNA dos genes *COI* e *CytB* apresentaram tamanho de 648 e 1118 pb, respectivamente (total de 1776 nucleotídeos). Nenhuma das sequências de DNA apresentou inserções/deleções e/ou códons de parada (*stop codons*). 233 nucleotídeos foram variáveis para o conjunto de dados analisado (72 para o *COI* e 161 para o *CytB*), os quais definiram 42 haplótipos. Foram aplicados dois métodos de construção de árvores filogenéticas (NJ e Máxima Parcimônia (MP)) utilizando os genes separados e concomitantes (Figuras 7 e 8). Todas as árvores obtidas apresentaram a mesma topologia geral (exceto para alguns ramos internos), com a formação de sete grupos principais, todos com altos valores de suporte estatístico. Um grupo é representado pela espécie *P. anhembí* enquanto a espécie *P. argentea* se dividiu em seis grupos (A a F), um composto pelos espécimes oriundos da bacia do rio São Francisco e os demais por espécimes provenientes da bacia do Alto rio Paraná (Figura 7 e 8).

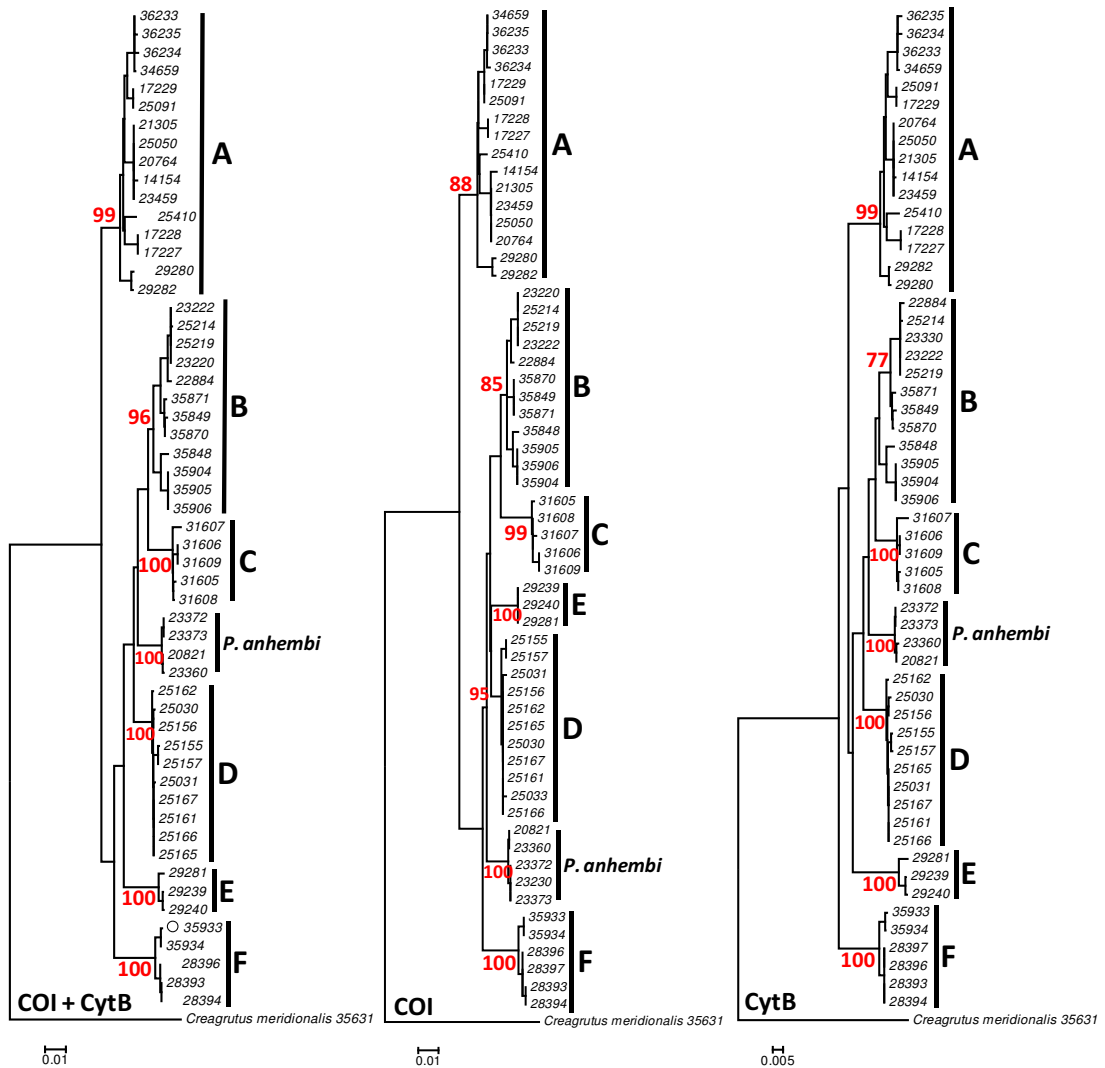


Figura 7: Árvores obtidas pelo método de NJ para os espécimes de *Piabina* analisados. A a F, grupos de *P. argentea*; números nos nós dos ramos = *bootstrap* (1000 pseudo-réplicas); números nos terminais = *voucher* LBP.

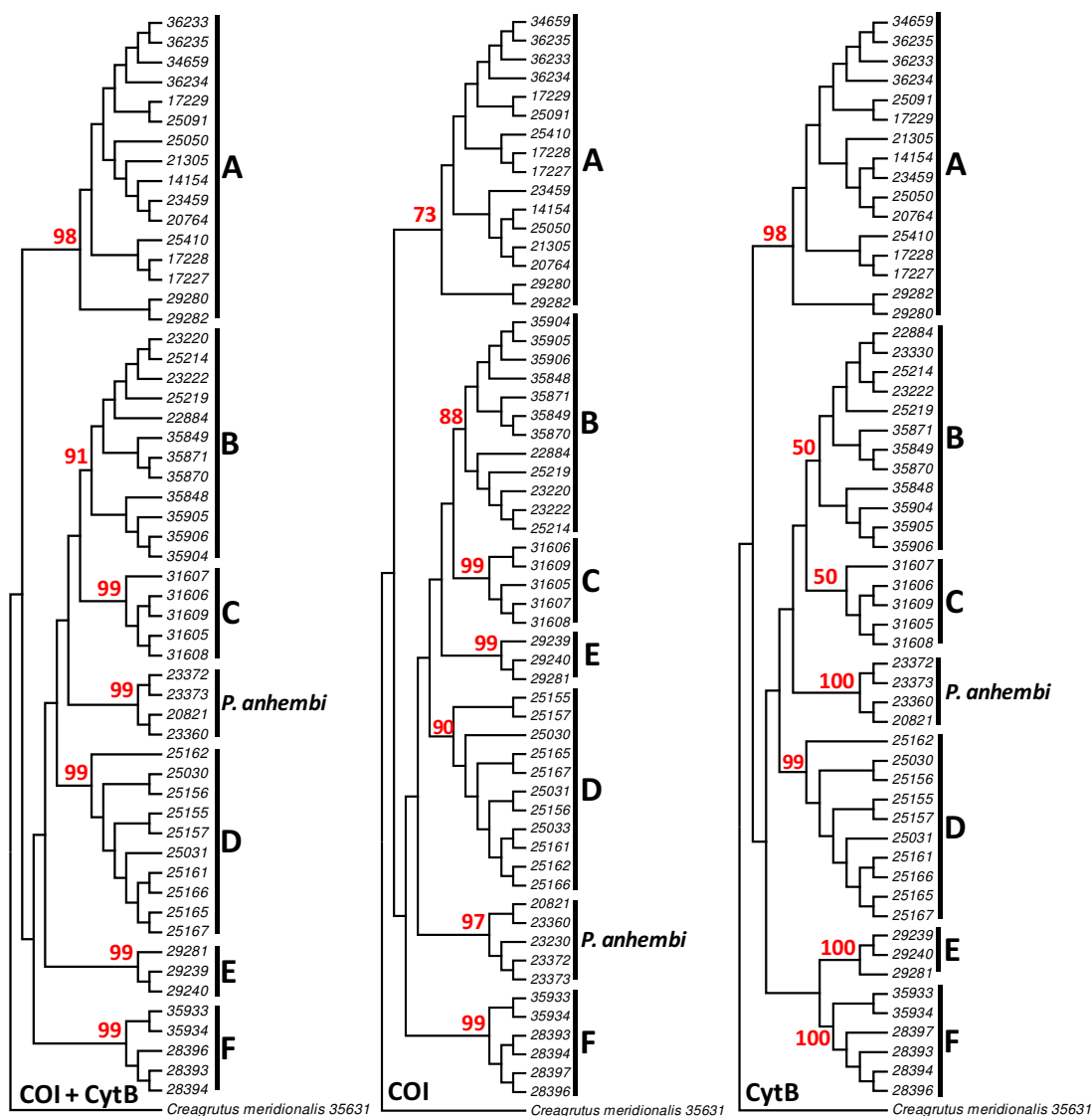


Figura 8: Árvores obtidas pelo método de MP para os espécimes de *Piabina* analisados. A a F, grupos de *P. argentea*; números nos nós dos ramos = *bootstrap* (1000 pseudo-réplicas); números nos terminais = *voucher* LBP.

A divergência genética K2P observada entre os grupos de *P. argentea* formados variou de 2% (grupos DXE) a 5,6% (grupos AXC) para o gene *COI* e de 2,3% (grupos BXC) a 5,4% (grupos AXE) para o gene *CytB* (Tabela 5). Os valores de divergência genética observados dentro de cada grupo variaram de 0 a 0,9% (média = 0,36%) e de 0,1% a 1% (média = 0,5%) para os genes *COI* e *CytB*, respectivamente (Tabela 5) evidenciando a existência do *barcode gap* para esse conjunto de dados.

Tabela 5: Valores de divergência genética (%) entre os sete grupos de *Piabina* formados. Gene *COI* abaixo da diagonal e gene *CytB* acima da diagonal. Os valores médios de distância genética observados dentro de cada grupo é apresentado em negrito na diagonal (*COI/CytB*).

	A	B	C	D	E	F	<i>P. anhembí</i>
A	0,9/1,0	4,7	4,7	4,2	5,4	5,2	4,8
B	4,2	0,7/1,0	2,3	3,0	4,7	5,0	2,7
C	5,6	2,5	0,3/0,4	3,1	5,3	5,3	3,0
D	3,5	2,1	2,9	0,2/0,2	4,1	4,9	2,5
E	4,8	2,5	3,1	2,0	0/0,5	4,9	4,9
F	4,7	3,9	4,5	3,2	3,6	0,3/0,3	5,1
<i>P. anhembí</i>	4,0	2,5	3,4	2,2	2,8	3,4	0,1/0,1

Adicionalmente foram obtidos alguns parâmetros populacionais para verificar se os grupos obtidos se comportam como populações ou espécies distintas.

O índice F_{ST} obtido par-a-par para os sete grupos formados variou de 0,77 a 0,98 para o gene *COI* e de 0,66 a 0,96 para o gene *CytB*, todos com suporte estatístico altamente significativo ($p < 0,001$) (Tabela 6).

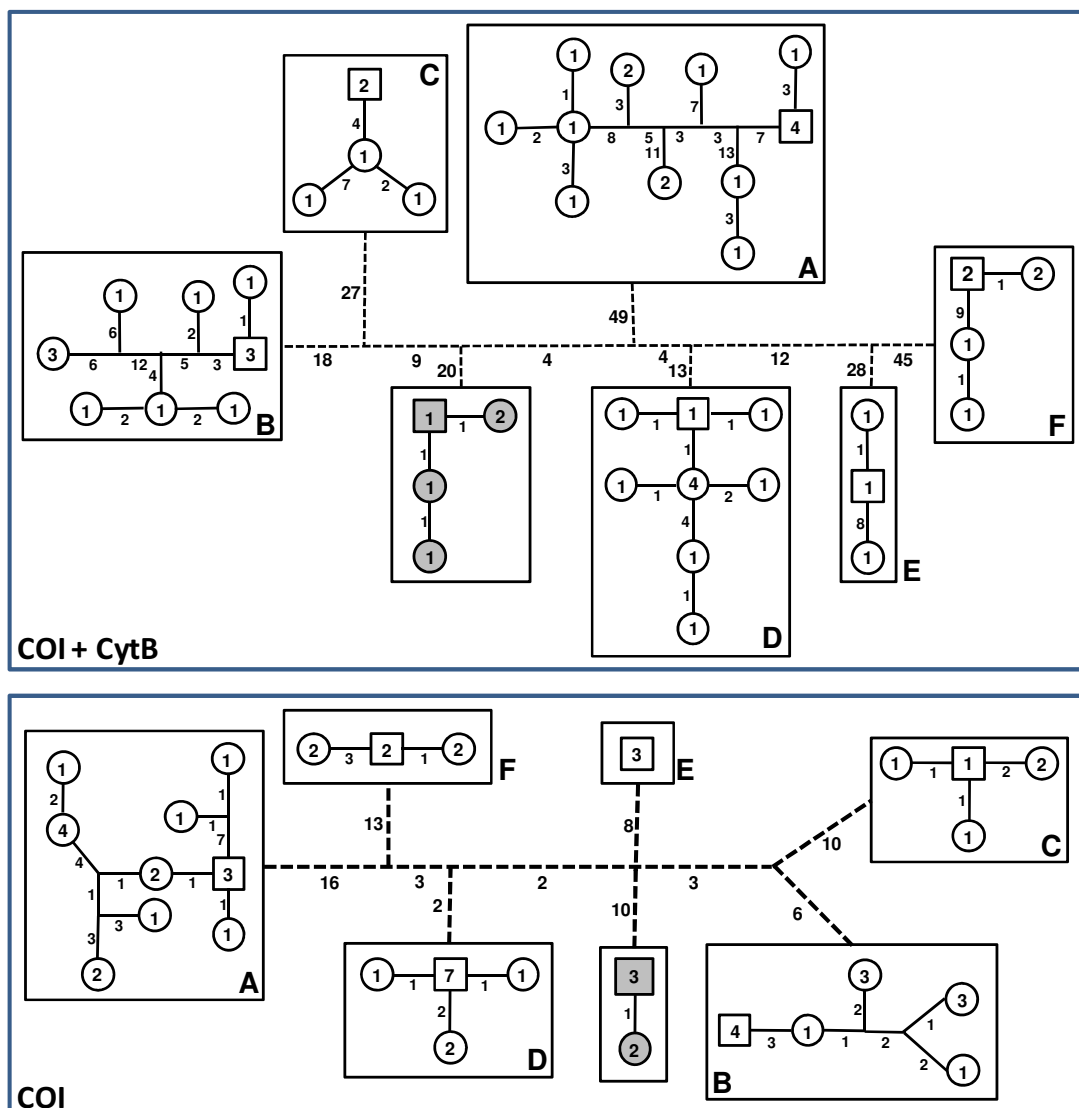
Tabela 6: Índice F_{ST} par-a-par entre os sete grupos de *Piabina* formados. F_{ST} para o gene *COI* é apresentado abaixo da diagonal e F_{ST} para o *CytB* é apresentado acima da diagonal.

	A	B	C	D	E	F	<i>P. anhembí</i>
A	-	0.79254	0.84386	0.85336	0.85659	0.86067	0.86193
B	0.80038	-	0.65594	0.77328	0.78754	0.82325	0.70487
C	0.85826	0.76602	-	0.92187	0.91004	0.92957	0.91288
D	0.82645	0.78760	0.92876	-	0.94973	0.96113	0.95335
E	0.83305	0.77467	0.93190	0.93346	-	0.93750	0.95991
F	0.83610	0.84631	0.92541	0.92958	0.93352	-	0.96486
<i>P. anhembí</i>	0.81920	0.79240	0.93925	0.93510	0.97734	0.93127	-

Foi obtida uma rede de haplótipos segundo o método de Templeton (1992) com o conjunto total de dados (*COI/CytB*), a qual apresentou sete redes haplotípicas independentes (Figura 9) seguindo o mesmo padrão das análises filogenéticas. O número de haplótipos presentes em cada rede variou de três (grupo E) a 11 (grupo A) e o número de passos mutacionais necessários para conectar as redes de haplótipos independentes formadas variou de 45 a 110 (linhas pontilhadas – Figura 9). Foram obtidas também as redes de haplótipos para cada gene separadamente,

as quais apresentaram o mesmo resultado com sete redes independentes com 14 a 34 (*COI*) e 25 a 71 (*CytB*) passos mutacionais para conectá-las (Figura 9).

O mapa de distribuição dos grupos de *P. argentea* e da espécie *P. anhembi* mostra um padrão de distribuição geográfica bastante complexo com grupos os A, B e F amplamente dispersos, enquanto os grupos C, D, E e *P. anhembi* apresentaram distribuição geográfica mais restrita (Figura 10).



Continua...

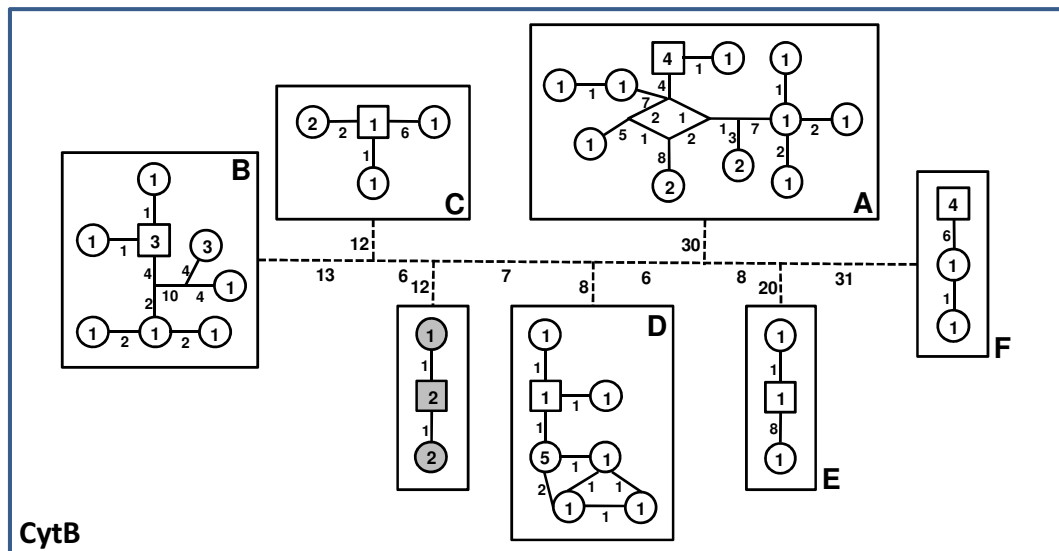


Figure 9: Rede de haplótipos para os sete grupos de *Piabina* formados. A rede que representa a espécie *P. anhembi* está em cinza. Números dentro dos círculos e quadrados representam o número de espécimes que compartilham o mesmo haplótipo. Os números nas linhas contínuas representam o número de passos mutacionais entre os haplótipos. Os números nas linhas tracejadas indicam o número de passos necessários para conectar cada rede haplotípica. Quadrado = provável haplótipo ancestral.



Figura 10: Mapa mostrando a distribuição geográfica de cada um dos seis grupos de *P. argentea* formados (A a F). C representa a o grupo de *P. argentea* proveniente da bacia do rio São Francisco. Quadrado preto representa a espécie *P. anhembi*.

4.3.2. O gênero *Astyanax*

Foram analisados 146 exemplares do gênero *Astyanax* provenientes da bacia do Alto rio Paraná representantes das espécies *A. paranae* (N=34), *A. bockmanni* (N=6), *A. fasciatus* (N=67), *A. biotae* (N=7), *A. schubarti* (N=5), *A. trierythropterus* (N=3) e *A. altiparanae* (N=24) (Anexo 2). Adicionalmente foram analisados três exemplares de *A. fasciatus* e três exemplares de *A. rivularis* provenientes da bacia do rio São Francisco e oito exemplares de *A. abramis* oriundos da bacia do rio Paraguai (Anexo 2). Os exemplares de *A. fasciatus* foram incluídos pelo fato da espécie ter sido descrita para esta bacia e, assim como os exemplares de *A. rivularis* e *A. abramis*, verificar os valores de divergência genética entre espécimes de bacias hidrográficas diferentes para os grupos *Fasciatus*, *Scabripinnis* e *Bimaculatus*, respectivamente.

Ao todo foram obtidas as sequências *barcode* de 160 exemplares de *Astyanax* pertencentes a nove espécies. As sequências obtidas variaram de 576 a 798 pb (tamanho médio = 683 pb). Nenhuma sequência apresentou inserções e/ou deleções ou códons de parada (*stop codons*).

As divergências genéticas médias intra e interespecíficas variaram de 0 a 1,4% e de 0,3% a 17,6%, respectivamente (Tabela 7). A análise de NND mostrou que apenas 67% dos valores médios de divergência genética intra-específica se encontram abaixo de 1% e, em 78% das comparações interespecíficas para o gênero os valores obtidos ficaram entre 0 e 1% (Figura 11). Assim, considerando 2% como valor de corte para delimitação de espécies, a identificação pelas distâncias genéticas permite discriminar prontamente apenas as espécies *A. altiparanae* e *A. abramis*. As demais espécies não puderam ser identificadas por essa abordagem, pois os pares de espécie *A. biotae/A. fasciatus*, *A. bockmanni/A. paranae*, *A. paranae/A. rivularis* e *A. schubarti/A. trierythropterus* apresentaram valores de divergência genética abaixo desse limite (Tabela 7).

Tabela 7: Valores de divergência genética intra e interespecíficos observados para as espécies do gênero *Astyanax*. Em vermelho, médias intra-específicas; em azul, verde e roxo, comparações entre representantes dos grupos Fasciatus, Paranae e Scabripinnis, respectivamente.

Espécies	Divergência intra-específica (%)			Divergência genética Interespecífica (%)								
	MIN	MED	MAX	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. <i>A. fasciatus</i>	0	1,0	2,6									
2. <i>A. biotae</i>	0	0,4	0,8	0,9								
3. <i>A. paranae</i>	0	1,4	3,2	3,4	3,5							
4. <i>A. bockmanni</i>	0	0,1	0,4	2,9	2,9	1,3						
5. <i>A. rivularis</i>	0	0	0	3,3	3,3	1,3	0,9					
6. <i>A. schubarti</i>	0	0,2	0,7	6,7	6,7	5,4	5,2	5,5				
7. <i>A. trierythropterus</i>	0,14	0,3	0,4	6,6	6,6	5,4	5,1	5,5	0,3			
8. <i>A. altiparanae</i>	0	1,4	3,6	16,1	15,9	15,7	15,4	15,3	16,8	16,6		
9. <i>A. abramis</i>	0	0	0,1	16,5	16,5	16	16,1	16	17,6	17,3	4,1	

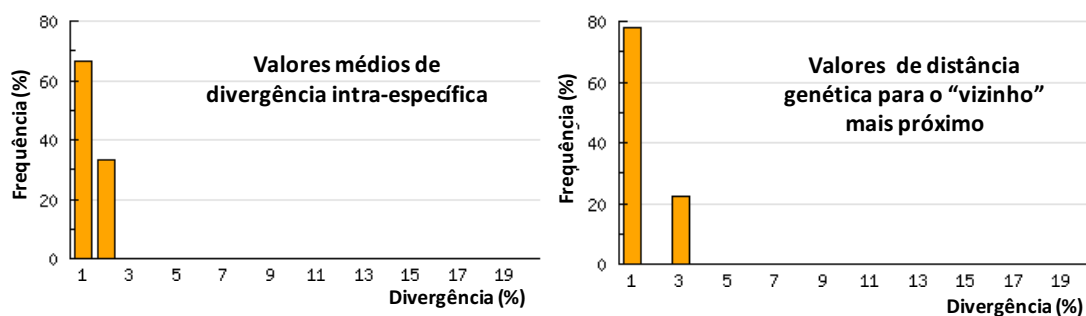


Figura 11: Valores de divergência genética obtidos na análise por NND para as espécies do gênero *Astyanax*.

A análise por NJ mostrou que quatro das espécies analisadas formaram grupos reciprocamente monofiléticos com altos valores de suporte estatístico permitindo sua identificação (Figura 12, Anexo 3). Os pares de espécies *A. fasciatus/A. biotae*, *A. schubarti/A. trierythropterus* e a espécie *A. paranae* formaram grupos parafiléticos não podendo ser identificados por essa abordagem (Figura 12, Anexo 3).

Considerando ambas as abordagens (análise por distância e por NJ), a metodologia de DNA *barcode* permitiu a identificação de quatro das nove espécies do gênero *Astyanax* analisadas.

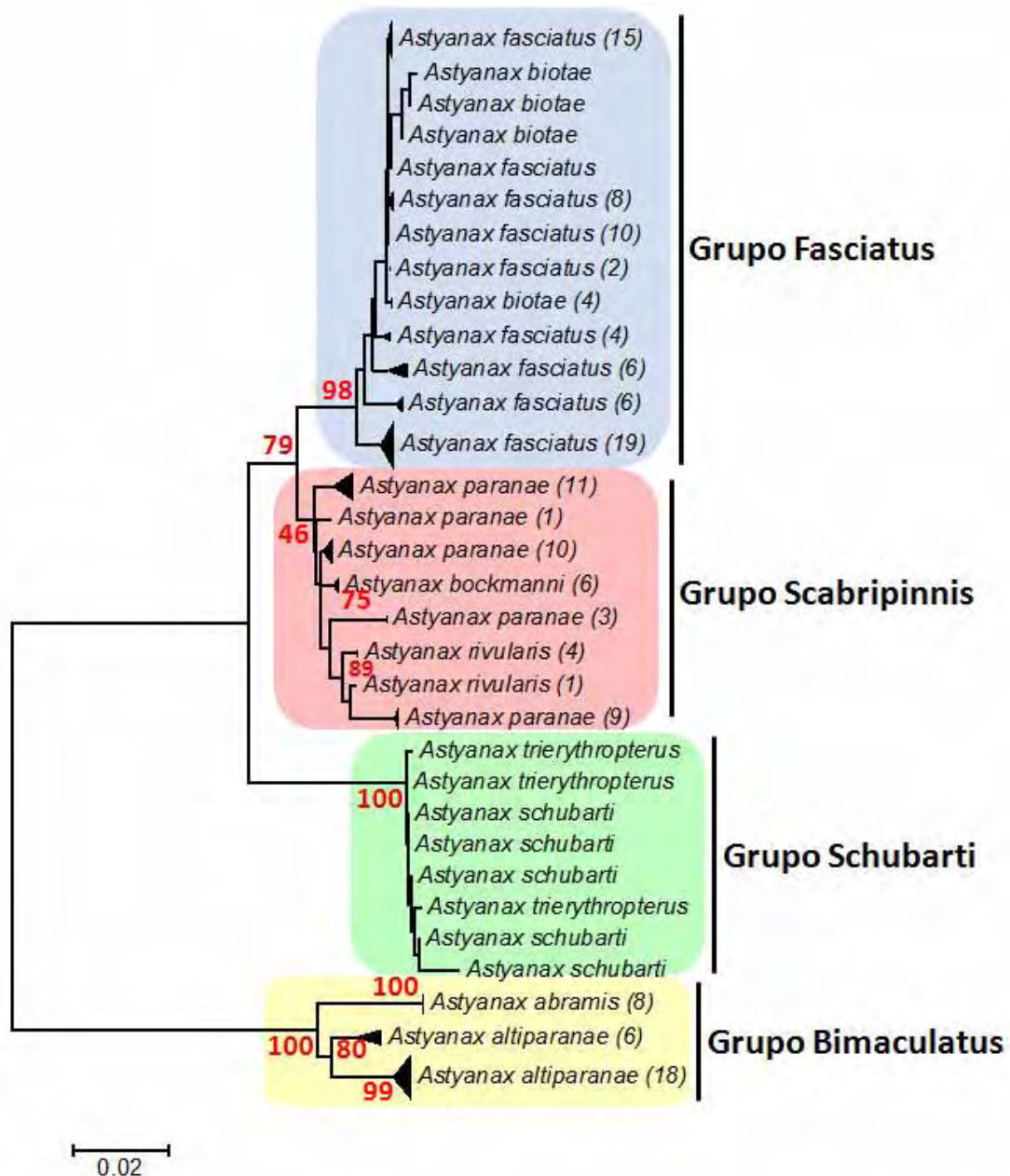


Figura 12: Dendrograma compacto gerado por NJ mostrando os grupos de *Astyanax* e o monofiletismo recíproco apresentando por quatro das nove espécies analisadas. Valores nos nós dos ramos = *bootstrap* (1000 pseudo-réplicas); número nos terminais = número de espécimes representados naquele ramo.

A análise de ND foi aplicada nos pares de espécies com valores médios de divergência genética menores que 2%. Esta abordagem permitiu a identificação de três das espécies analisadas: *A. bockmanni* apresentou um nucleotídeo diagnóstico

exclusivo e *A. rivularis* apresentou dois nucleotídeos diagnósticos exclusivos, corroborando o monofiletismo recíproco observado nas análises por NJ (Figura 13). A espécie *A. paranae* não apresentou nenhum nucleotídeo diagnóstico exclusivo, porém pode ser distinguida das demais espécies do grupo Scabripinnis pela combinação nucleotídica única encontrada nas posições analisadas (Figura 13). Os pares de espécies *A. fasciatus/A. biotae* (Figura 14) e *A. schubarti/A. trierythropterus* (dados não mostrados) não apresentaram nenhum nucleotídeo diagnóstico não podendo ser identificadas por essa abordagem.

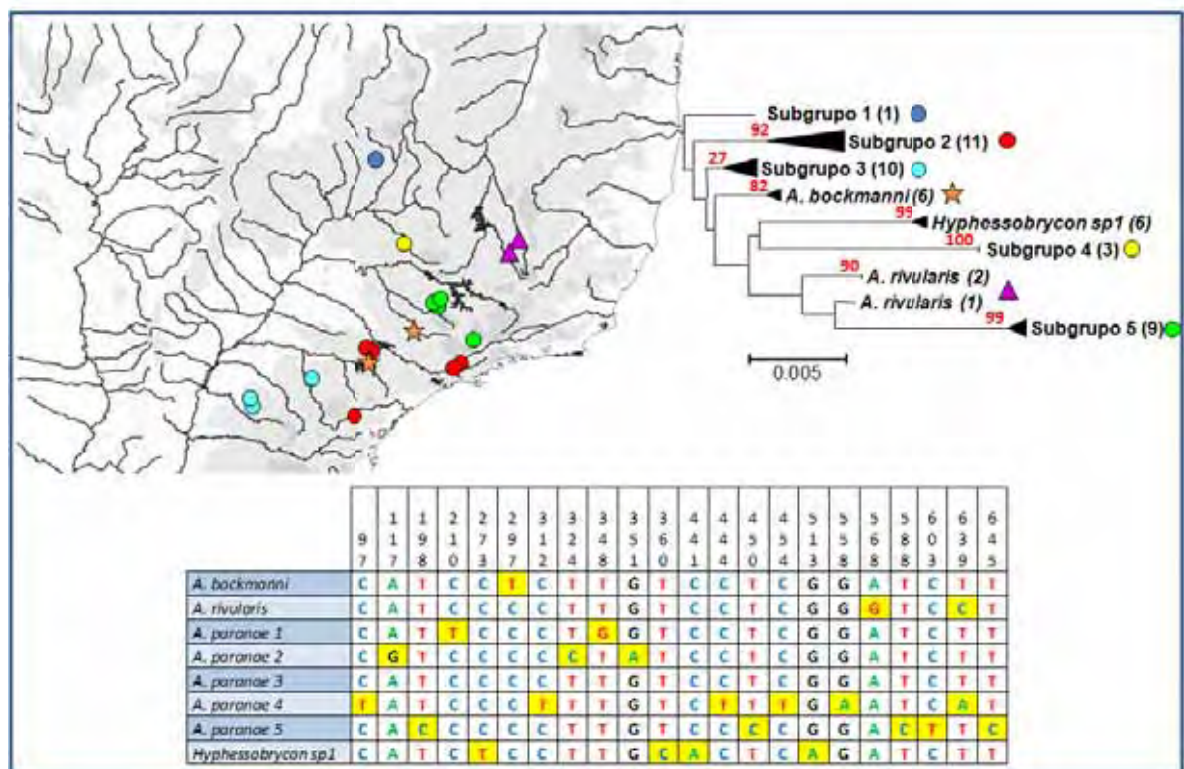


Figura 13: Mapa de distribuição das espécies do grupo Scabripinnis e subgrupos da espécie *A. paranae* analisadas. À direita, dendrograma com valores de *bootstrap* nos nós e número de indivíduos em cada ramo entre parênteses. Abaixo análise de ND para as espécies e subgrupos formados; em amarelo, nucleotídeos diagnósticos exclusivos.

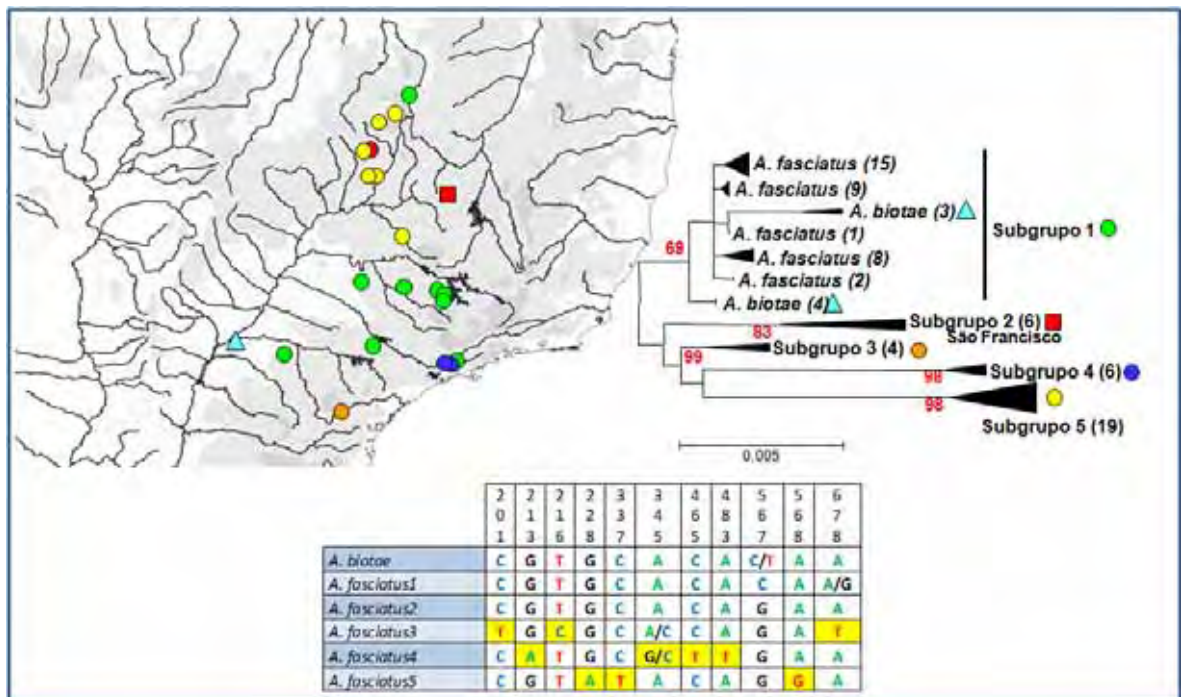


Figura 14: Mapa de distribuição das espécies do grupo *Fasciatus* e subgrupos da espécie *A. fasciatus* analisadas. À direita, dendrograma com valores de *bootstrap* nos nós e número de indivíduos em cada ramo entre parênteses. Abaixo análise de ND para as espécies e subgrupos formados; em amarelo, nucleotídeos diagnósticos exclusivos.

Os resultados obtidos mostram a formação de quatro grupos principais no dendrograma gerado por NJ, três dos quais são condizentes com os grupos reconhecidos na literatura: *Fasciatus* (*A. fasciatus*, *A. biotae*); *Scabripinnis* (*A. Paranae*, *A. bockmanni*, *A. rivularis*) e *Bimaculatus* (*A. altiparanae*, *A. abramis*). O quarto grupo inclui as espécies *A. schubarti* e *A. trierythropterus*, aqui denominado grupo *Schubarti* (Figura 12). A divergência genética K2P entre esses grupos variou de 3,3% a 16,9%, sendo menor entre os grupos *Scabripinnis* e *Fasciatus* e maior entre os grupos *Bimaculatus* e *Schubarti* (Tabela 8).

Os valores de divergência genética entre as espécies de *Astyanax* do Alto rio Paraná e as espécies provenientes de outras bacias foram extremamente baixos (Tabela 7). Os espécimes de *A. fasciatus* provenientes da bacia do rio São Francisco apresentaram menos de 1% de divergência para os exemplares da bacia em estudo. A análise de ND não revelou nenhum caráter diagnóstico exclusivo para esses exemplares. A espécie de *A. rivularis* (Bacia do rio São Francisco) apresentou de 0,9% a 1,7% de divergência para as espécies do mesmo grupo (*Scabripinnis*)

provenientes da bacia do Alto rio Paraná (Tabela 7) apresentando apenas um nucleotídeo diagnóstico que a distingue das demais (Figura 13). A espécie *A. abramis* (Bacia do rio Paraguai) foi a que apresentou o maior valor médio de distância genética (4,4%) quando comparado a espécie do mesmo grupo (Bimaculatus) *A. altiparanae*.

Tabela 8: Valores de divergência genética (%) encontrados nas comparações par-a-par entre os grupos de espécies do gênero *Astyanax*. Em negrito estão representados os valores médios de divergência genética dentro de cada grupo.

Grupos	1	2	3	4
1. FASCIATUS	1,0			
2. PARANAE	3,3	1,4		
3. SCHUBARTI	6,7	5,4	0,3	
4. BIMACULATUS	16,2	15,8	16,9	2,4

Três espécies (*A. paranae*, *A. fasciatus* e *A. altiparanae*) apresentaram valores máximos de divergência genética intra-específica >2% (Tabela 4), corroborada na análise por NJ, com a formação de subgrupos para estas espécies com significativos valores de suporte estatístico (Figura 13, 14 e 15). A espécie *A. altiparanae* se dividiu em dois subgrupos com divergência genética média entre eles de 2,6% contra 0,6% de divergência genética média dentro de cada subgrupo (Figura 15, Tabela 9). A espécie *A. paranae* se dividiu em cinco subgrupos distintos com divergência genética média dentro e entre os subgrupos variando de 0 a 0,5% e de 0,5% a 2,8%, respectivamente (Figura 13, Tabela 9). A espécie *A. fasciatus* se dividiu em cinco subgrupos com valores de divergência genética média variando de 0,2% a 0,6% e de 0,8% a 2,0% dentro e entre os subgrupos, respectivamente (Figura 14, Tabela 9). Alguns dos subgrupos formados, embora apresentassem divergências genéticas médias menores que 2%, foram analisados como linhagens distintas para se verificar o padrão de distribuição da divergência genética observada. Esta escolha se justifica pelo fato de que pelo menos um indivíduo destes subgrupos diverge pelo menos 2% de outro indivíduo de um subgrupo distinto; pelo valor significativo de suporte estatístico apresentado pelo ramo no dendrograma na análise por NJ (Figura 13, 14 e 15) e; além disso, pela observação

de que alguns pares de espécies congêneres (*A. paranae*/*A. bockmanni*, *A. paranae*/*A. rivularis* e *A. bockmanni*/*A. rivularis*) apresentaram valores médios de divergência genética interespecífica abaixo de 2% (Tabela 7) semelhantes aos valores apresentados nas comparações entre esses subgrupos.

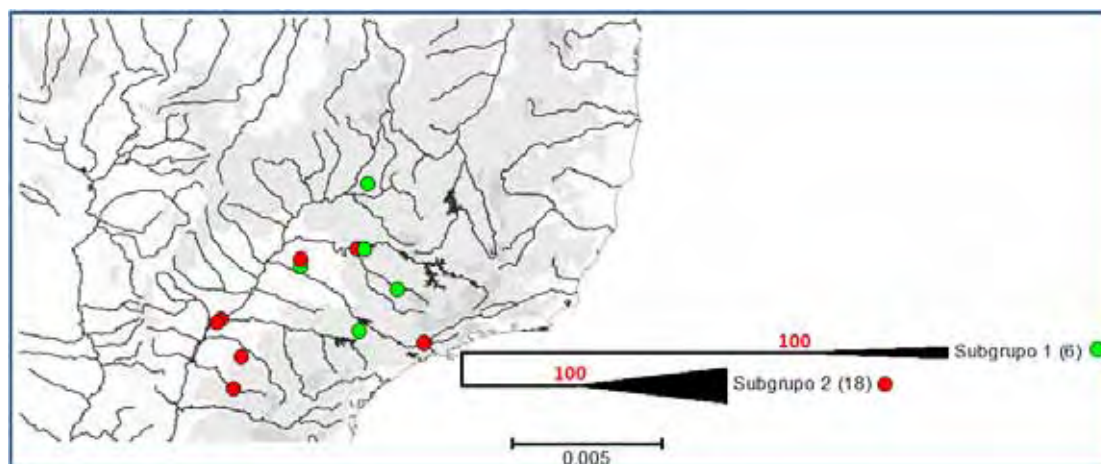


Figura 15: Mapa de distribuição dos subgrupos formados para a espécie *A. altiparanae*. À direita, dendrograma com valores de *bootstrap* nos nós e número de indivíduos em cada ramo entre parênteses.

Tabela 9: Valores de divergência genética encontrados dentro e entre os subgrupos formados para as espécies *A. altiparanae*, *A. fasciatus* e *A. paranae*.

Subgrupos	Divergência dentro dos subgrupos (%)			Divergência entre os subgrupos (%)			
	Mín.	Méd.	Máx				
<i>A. altiparanae</i> subgrupo 1	0	0,6	1,4				
<i>A. altiparanae</i> subgrupo 2	0	0,6	1,9	0,26			
<i>A. fasciatus</i> subgrupo 1	0	0,2	0,8				
<i>A. fasciatus</i> subgrupo 2	0,1	0,3	0,5	0,8			
<i>A. fasciatus</i> subgrupo 3	0,1	0,6	1,2	1,1	1,2		
<i>A. fasciatus</i> subgrupo 4	0	0,2	0,3	1,4	1,5	1,7	
<i>A. fasciatus</i> subgrupo 5	0	0,2	0,8	1,6	1,5	1,9	2,0
<i>A. paranae</i> subgrupo 1	-	-	-				
<i>A. paranae</i> subgrupo 2	0	0,5	1,3	1,3			
<i>A. paranae</i> subgrupo 3	0	0,2	0,5	0,5	1,1		
<i>A. paranae</i> subgrupo 4	0	0	0	1,7	2,4	1,7	
<i>A. paranae</i> subgrupo 5	0	0,1	0,3	1,9	2,5	1,6	2,8

Os subgrupos formados para as espécies *A. paranae* e *A. fasciatus* foram submetidos à análise de ND por apresentarem valores de divergência genética entre eles menores que 2%, a qual revelou a presença de poucos nucleotídeos diagnósticos variando de dois a seis, sendo que os subgrupos *A. paranae* 3, *A. fasciatus* 1 e 2 não apresentaram nenhum nucleotídeo diagnóstico exclusivo, sendo discriminadas pela combinação única de nucleotídeos para as posições analisadas (Figura 13 e 14).

Foram montados mapas para verificar a distribuição geográfica dos subgrupos formados para cada uma das três espécies analisadas (*A. altiparanae*, *A. paranae* e *A. fasciatus*). Os mapas mostram que para as três espécies, os subgrupos exibem um padrão de distribuição complexo, ocorrendo em parapatria e/ou simpatria, não permitindo uma separação clara entre eles (Figuras 13, 14 e 15).

Discussão

5. DISCUSSÃO

A metodologia de DNA *barcode* permitiu a identificação correta de 231 (90%) das 256 espécies analisadas (Anexo 3) por meio das três metodologias de análises empregadas (distância genética, NJ e ND). Se excluirmos das análises as espécies do gênero *Hypostomus*, as quais necessitam de ampla revisão taxonômica antes que afirmações possam ser feitas quanto ao sucesso em sua discriminação, a eficácia da metodologia *barcode* sobe para 96%.

Esses valores são condizentes aos encontrados na literatura sobre a identificação molecular de ictiofaunas pela metodologia do DNA *barcode*. Ward et al. (2005) analisaram 207 espécies de peixes marinhos da costa australiana, discriminando todas as espécies. Hubert et al. (2008) obtiveram as sequências *barcode* para 190 espécies de peixes de água doce do Canadá, discriminando corretamente 93% das espécies analisadas. Em outro estudo, Valdez-Moreno et al. (2009) avaliaram 61 espécies de peixes de água doce do México e Guatemala discriminando corretamente 93% das espécies. Mais recentemente, Lara et al. (2010) obtiveram as sequências *barcode* de 27 espécies de peixes de água doce de Cuba conseguindo uma resolução de 96%, enquanto que Ward (2009) analisando as sequências *barcode* de 1088 espécies de peixes que se encontravam depositadas no BOLD encontrou uma eficácia de discriminação de 97,5%. Esses resultados demonstram a eficácia do sistema de identificação molecular por DNA *barcode* para a grande maioria das espécies de peixes analisadas. Esta metodologia de identificação também tem se mostrado bastante efetiva para outros grupos animais, tanto vertebrados como invertebrados, com alto grau de eficácia (>90%), tendo sido aplicada para colêmbolos (Hogg e Hebert, 2004), borboletas (Hebert et al., 2004b; Hajibabaei et al., 2006b), crustáceos (Costa et al., 2007), pássaros (Hebert et al., 2004a) e morcegos (Clare et al., 2007), dentre outros (ver sítio www.barcodinglife.org).

Os valores de divergência genética K2P intra e interespecíficos observados no presente estudo (Tabela 2) são condizentes com os encontrados na literatura (sintetizados na Tabela 10), com exceção do valor médio de divergência genética intra-específica que se mostrou ligeiramente maior (1,3%), o qual reflete o elevado

número de espécies (15 espécies) que apresentaram valores médios de divergência intra-específica maiores que 2% (Tabela 4).

Tabela 10: Divergências genéticas intra e interespecífica observadas na literatura disponível sobre *barcode* em peixes.

Divergência K2P	Mínimo (%)	Médio (%)	Máximo (%)	Referência
Intra-específica	0	0,4	14,1	Ward et al.
Interespecífica	0	9,9	20,6	(2005)
Intra-específica	0	0,3	7,4	Hubert et al.
Interespecífica	0	8,4	19,3	(2008)
Intra-específica	0	0,4	2,1	Valdez-Moreno et
Interespecífica	0	5,1	16,7	al. (2009)
Intra-específica	0	0,4	3,3	Lara et al.
Interespecífica	1,6	8,0	18,1	(2010)
Intra-específica	0	0,3%	17,5	Ward
Interespecífica	0	8,4%	24,9	(2009)
Intra-específica	0	1,3	8,5	PRESENTE ESTUDO
Interespecífica	0	7,1	24,9	

Estes resultados foram confirmados na análise de NND que mostrou que 87% das médias de divergência genética intra-específica são menores que 1% contra um valor médio de 8% de divergência genética nas comparações interespecíficas (Figura 4). Este resultado indica a existência do *barcode gap* para a maioria das espécies analisadas, como sugerido por Hebert et al. (2003, 2004b), segundo o qual a diferença genética interespecífica excede a diferença intra-específica de tal maneira que um claro *gap* permite assinalar um espécime desconhecido à sua espécie com uma taxa de erro insignificante. Porém, a análise de NND, assim como o cálculo das distâncias genéticas entre espécie congêneres, mostrou que 24% das comparações interespecíficas apresentaram valores menores que 2%, levando a sobreposição dos valores de distância genética intra e interespecíficas para algumas das espécies analisadas (Tabela 3 e Anexo 3 – em azul). No entanto, essa sobreposição não é completa para a maioria dos casos, permitindo sua discriminação quando outros métodos de análise são aplicados (NJ e ND), os quais permitem identificar com segurança esses pares de espécies (Figura 5). Apenas três pares de espécies mostraram completa sobreposição de suas sequências *barcode* não permitindo suas identificações por nenhuma das três metodologias empregadas (Tabela 3 e Anexo 3 – em amarelo). Todos os pares de espécies que apresentaram

baixos valores de divergência genética entre eles (<2%) foram analisados com mais detalhe e são discutidos em um tópico específico.

No outro extremo, encontram-se as espécies que apresentaram elevados valores de divergência genética intra-específica (>2%) (Tabela 4). Estes casos são responsáveis por elevar o valor médio de divergência genética intra-específica para o conjunto de espécies analisadas (Tabela 2) e podem representar casos onde há profunda estruturação populacional; casos de especiação críptica (principalmente nos casos em que é assinalada uma única espécie para aquele gênero na bacia) ou; casos de espécies congêneres erroneamente identificadas (principalmente nos casos em que há mais de uma espécie assinalada para aquele gênero na bacia e não foi possível discriminá-las em nossas análises taxonômicas). Esses casos foram analisados em detalhe e são discutidos em um tópico específico.

5.1. Casos de divergência genética interespecíficas menores que 2%

As diferenças nos valores das distâncias genéticas intra e interespecíficas formam a base do sucesso de identificação por DNA *barcode* (Hebert et al. 2003). Estas diferenças permitem a observação do que Hebert et al. (2003, 2004b) denominaram de *barcode gap*, ou seja, a existência de uma lacuna entre os valores de divergência genética intra e interespecíficas. Assim, estes autores propuseram um valor de corte para a delimitação de espécies que deveria ser de pelo menos 10X o valor da divergência genética intra-específica média observado para o conjunto total de dados. Considerando o valor de 1,3% de divergência média intra-específica obtido, o valor de corte para delimitação de espécies no presente estudo seria de 13%. Desta forma, a grande maioria das espécies analisadas não poderia ser discriminada pela metodologia por DNA *barcode*. No entanto, os diversos trabalhos publicados sobre o uso de *barcode* em grandes conjuntos de dados tem demonstrado que uma parcela das comparações entre espécies apresentaram valores de divergência genética relativamente baixos quando comparados a média do conjunto de espécies analisadas (Ward et al., 2005; Hubert et al., 2008; Valdez-Moreno et al., 2009; Lara et al., 2010). Ward (2009) analisou dados de 1088 espécies de peixes depositados no BOLD e verificou que 17% dos valores de divergência genética entre congêneres estão abaixo de 3% e, 3,7% dessas

comparações apresentam valores abaixo de 1%, porém, todas suficientes para permitir uma segura separação e identificação das espécies envolvidas. Assim, esse autor propôs baseado em análises estatísticas, que se um espécime desconhecido apresentar pelo menos 2% de divergência genética para uma espécie conhecida, esse espécime possui 95% de probabilidade de pertencer à outra espécie. No entanto, a atribuição de um valor de corte para a delimitação de espécies é problemática uma vez que a amostragem insuficiente em nível interespecífico e intra-específico pode gerar discrepâncias nesses valores, criando valores de corte, e um conseqüente *barcode gap* artificiais (Mayer e Paulay, 2005; Wiemers e Fiedler, 2007; Will e Rubinoff, 2004), além do fato de que a taxa de mutação para o gene *COI* pode variar entre diferentes espécies (Ward et al., 2009). Wiemers e Fiedler (2007) alertam que uso dessa abordagem pode levar à identificação de falsos positivos e falsos negativos. Estes argumentos e observações deixam claro que qualquer atribuição de um valor de corte para a delimitação de espécies deve ser analisada cautelosamente, considerando-se outros dados disponíveis sobre o grupo em estudo, como a sua história evolutiva e aspectos ecológicos, morfológicos e comportamentais.

Outro questionamento quanto à aplicação do método de análise por DNA *barcode* se faz quanto ao uso de métodos de distância nas análises realizadas. O uso do método de distância por NJ foi proposto por Hebert et al. (2003) por apresentar um bom histórico em análises com grandes conjuntos de dados e devido à rápida obtenção dos resultados. No entanto, diversos autores tem advogado contra o uso destes métodos nas análises com DNA *barcode* por motivos como o fato de não serem condizentes com o método cladístico, uma vez que não elegem caracteres diagnósticos que validem a espécie; pelo fato do método necessitar da atribuição de um valor de corte que, como discutido anteriormente, são difíceis de definir devido à grande variação de divergência genética encontrada dentro e entre grupos, levando a obtenção de falsos positivos e falso negativos; ao fato de que a acurácia do método de distância depende da amostragem realizada; ao fato da existência de perda de caracteres informativos já que as análises são reduzidas a uma única medida que é a similaridade entre as sequências, o que pode levar a erros de identificação, se a espécie em questão não estiver amostrada no banco de dados; dentre outros (DeSalle et al., 2005; DeSalle, 2006; Frézal e Leblois, 2008;

Wong et al., 2009; Sarkar et al., 2008). Estas características poderiam tornar o método menos sensível na identificação de grupos de espécies que apresentam baixos valores de divergência genética interespecífica, conduzindo a erros. Vários métodos alternativos foram propostos para analisar os dados de DNA *barcode*, como o emprego de abordagens por métodos filogenéticos clássicos com uso de algoritmos de distância, máxima parcimônia e máxima-verossimilhança com diferentes modelos mutacionais (Elias et al., 2007); o uso de caracteres diagnósticos múltiplos (DeSalle et al., 2005; Sarkar et al., 2008) e; a aplicação de métodos populacionais baseados na teoria de coalescência com algoritmos Bayseanos e de máxima-verossimilhança (Matz e Nielsen, 2005; Nielsen e Matz, 2006; Abdo e Golding, 2007). Independente do método adotado, todos eles tem suas vantagens e limitações devendo ser avaliados com cuidado. Frézal e Leblois (2008) sugerem um procedimento para o uso dos métodos de análise de DNA *barcode*: primeiro usa-se métodos rápidos de distâncias para atribuir uma sequência alvo à uma família e/ou gênero, diminuindo o conjunto de dados da análise; depois se aplica métodos filogenéticos ou estatísticos para uma análise mais detalhada na busca da espécie correspondente e; se ainda restarem dúvidas quanto ao resultado, pode-se usar a abordagem por métodos populacionais baseados na teoria da coalescência (Frézal e Leblois, 2008). No entanto, ainda restam muitos questionamentos quanto ao melhor método de análise a ser utilizado. Estudos comparativos ainda necessitam ser realizados para se verificar a sensibilidade e eficácia de cada método.

No presente estudo 31 pares de espécies (46 espécies) apresentaram valores de divergência genética entre elas menores que 2%, porém 40 delas puderam ser identificadas com o uso outras abordagens de análise, como as baseadas no monofiletismo recíproco observado nos dendrogramas de NJ e na obtenção de nucleotídeos diagnósticos (ND). Assim, como discutido acima, fica claro que o uso combinado de diferentes metodologias de análises do DNA *barcode* permite a identificação de um número maior de espécies, que os métodos de distância associados a valores de corte não identificariam.

O uso da metodologia de identificação por ND mostrou-se eficiente revelando a existência de nucleotídeos diagnósticos para a maioria das espécies analisadas (Figuras 5). De modo geral, a identificação por ND confirmou o monofiletismo recíproco observado para as espécies em questão, além de fornecer caracteres

diagnósticos para identificação seguindo a mesma abordagem utilizada nas análises morfológicas, que é a identificação das espécies por caracteres diagnósticos exclusivos (DeSalle, 2005).

Por outro lado, os resultados apresentados mostram que, além dessas espécies com valores de divergência genética menores que 2%, muitas outras comparações entre espécies apresentaram valores relativamente baixos, com 54% de casos menores que 5% (Figura 4). Duas explicações possíveis para esses baixos valores interespecíficos encontrados em diferentes pares de espécies no presente trabalho e na literatura disponível são as diferenças nas taxas evolutivas apresentadas para o gene mitocondrial *COI* nas diferentes ordens, famílias, gêneros e até mesmo espécies e o fato de que esses baixos valores podem indicar uma possível radiação evolutiva recente para esses grupos. Krieger e Fuerst (2002) em seu trabalho com peixes da ordem Acipensiformes, demonstraram a lenta taxa de evolução molecular para esse grupo de espécies e sugeriram a existência de uma ampla variação nas taxas de mutação para as espécies de peixes. Frézal e Leblois (2008) também mostraram a diferença nas taxas de evolução do gene *COI* para diferentes grupos de seres vivos e dentro dos próprios grupos. Já dentro da segunda possível causa, Montoya-Burgos et al. (2003) trabalhando com o gênero *Hypostomus* e Hubert et al. (2007) com os gêneros *Serrasalmus* e *Pygocentrus* provenientes da América do Sul, propuseram a hipótese de radiação recente para esses grupos, os quais teriam se originado entre 12 e 2 milhões de anos atrás. Ambos os trabalhos acreditam que esse padrão possa ser verdadeiro para inúmeros outros grupos de peixes neotropicais. Perdices et al. (2002, 2005) estudando espécies de *Rhamdia* e *Synbranchus* e Ornelas-Garcia et al. (2008) estudando espécies do gênero *Astyanax*, encontraram padrões semelhantes na região mesoamericana. Assim, esses grupos não teriam tido tempo evolutivo suficiente para acumular grandes diferenças genéticas, justificando os baixos valores encontrados.

Três pares de espécies (*Leporinus paranensis*/*L. octofasciatus*, *Astyanax biotae*/*A. fasciatus* e *A. schubarti*/*A. trierythropterus*) e as espécies pertencentes ao gênero *Hypostomus* não puderam ser identificadas por nenhuma das metodologias de identificação com DNA *barcode* empregadas. Os pares de espécies *A. biotae*/*A. fasciatus* e *A. schubarti*/*A. trierythropterus* serão discutidas em um tópico específico.

O par de espécies *Leporinus paranensis*/*L. octofasciatus* pertence a um gênero representado neste estudo por 10 espécies (Anexo 3), as quais apresentaram valores médios de divergência genética intra e interespecíficas variando de 0 a 2,1% (média = 0,6%) e 2,4% a 17,1% (média = 11,7), respectivamente. O valor máximo de divergência genética intra-específica (2,1%) é observado na espécie *L. paranensis*, a qual se dividiu em dois subgrupos distintos com 3,6% de divergência genética entre eles (versus 0,2% e 0,7% de divergência intra-específica), com elevado suporte estatístico na análise por NJ (Figura 6). Se consideradas como entidades genéticas distintas nas análises, o valor máximo de divergência intra-específica para o gênero cai para 1,3% (*L. amblyrhynchus*), com valor médio de apenas 0,4% para as 11 unidades genéticas (nove espécies + *L. paranensis*A + *L. paranensis*B). Assim, fica evidente a existência de um profundo *barcode gap* para as espécies do gênero *Leporinus* da bacia do Alto rio Paraná. Porém, o agrupamento denominado *L. paranensis*B apresentou alta similaridade nas sequências do gene *COI* com a espécie de *L. octofasciatus*, formando um grupo parafilético com a mesma (Anexo 3 – em amarelo). A análise por ND não encontrou nenhum nucleotídeo diagnóstico para este par de espécies, não permitindo sua identificação. A hipótese de erro de identificação foi descartada, uma vez que reexaminados, os exemplares foram confirmados às espécies previamente assinaladas, baseados principalmente no padrão de colorido apresentado. Assim, a não separação entre essas espécies pode ser devida a uma recente radiação entre essas linhagens, não permitindo o acúmulo de mutações para o gene *COI*; a um processo de hibridização entre as duas espécies ou; a um processo de convergência genética. No entanto, para esclarecer os processos evolutivos existentes entre essas unidades morfologicamente distinguíveis, estudos mais detalhados serão necessários, incluindo um maior número de genes, inclusive nucleares, associados a estudos morfológicos e ecológicos.

Nenhuma das espécies de *Hypostomus* pôde ser identificada pela metodologia *barcode* (Anexo 3 – em amarelo). Estas espécies pertencem a um gênero altamente especioso (130 espécies descritas) (Weber, 2003; Ferraris, 2007; Froese e Paulay, 2010) e com reconhecidos problemas taxonômicos como, a dificuldade na identificação morfológica de suas espécies, as quais são muito semelhantes, algumas compondo complexos de espécies (Weber e Montoya-

Burgos, 2002; Oyakawa et al., 2005; Zawadzki et al., 2008a, 2008b) e o não monofiletismo do gênero reportado em alguns trabalhos (Montoya-Burgos et al., 1998; Montoya-Burgos, 2003). Assim, a sobreposição das sequências *barcode* neste gênero pode ser devida a erros na identificação prévia dos espécimes de *Hypostomus* ou à uma possível radiação recente das espécies do gênero. Montoya-Burgos (2003) trabalhando com espécies de *Hypostomus* provenientes da América do Sul sugere que os processos de divergência e radiação para o grupo datam de 12 a 4 milhões de anos atrás (baseados nos genes D-Loop e ITS). Assim, as espécies do gênero podem não ter acumulado mutações suficientes no gene *COI* para serem discriminadas, justificando a não identificação dessas espécies pela metodologia *barcode*. No entanto, a grande dificuldade na identificação dessas espécies, mesmo por especialistas (Weber e Montoya-Burgos, 2002; Oyakawa et al., 2005; Zawadzki et al., 2008a, 2008b), impedem que qualquer conclusão em relação a identificação dessas espécies pela metodologia de DNA *barcode* seja obtida antes que uma revisão taxonômica detalhada seja realizada nos exemplares analisados a fim de confirmar sua identificação.

De modo geral, os resultados apresentados mostram a grande eficácia de identificação molecular por DNA *barcode* para os peixes estudados, evidenciando que o uso de diferentes abordagens nas análises dos dados pode ser útil para resolver ou aumentar a confiabilidade na identificação de espécies, principalmente nos casos onde os valores de divergência genética interespecíficas são baixos.

5.2. Casos com divergências genéticas intra-específicas maiores que 2%

15 espécies apresentaram valores médios de divergência intra-específica acima do valor de corte adotado (2%) (Tabela 4), as quais se apresentaram estruturadas em dois ou mais subgrupos na análise de NJ com elevado suporte estatístico (Figura 6). Os valores de divergência genética entre os subgrupos formados foram de duas a 12 vezes maiores que os valores encontrados dentro de cada subgrupo, evidenciando a existência de diferentes linhagens de haplótipos (Tabela 4).

Casos de espécies com elevada divergência genética intra-específica tem sido reportados em inúmeros trabalhos realizados com o emprego de DNA *barcode*,

a maioria dos quais tem sido considerados casos de espécies crípticas (Hebert et al., 2004a; Hebert et al., 2004b; Ward et al., 2005; Witt et al., 2006; Kon et al., 2007; Clare et al., 2007; Zemlak et al., 2009; Lara et al., 2010).

Como já discutido no tópico anterior, Hebert et al. (2004b) sugeriram um valor de corte para a delimitação entre espécies que deveria ser de pelo menos 10 vezes o valor da média de divergência intra-específica observada no grupo em estudo. Mais recentemente, Ward (2009) analisando a distribuição da divergência genética das sequências *barcode* entre 1088 espécies de peixes já depositados no BOLD sugeriu que, baseado em análises estatísticas, se um espécime desconhecido apresentar um valor de divergência genética maior que 2% em relação a um espécime conhecido, esse espécime teria 95% de probabilidade de representar uma espécie diferente. O autor citado observou ainda que 17% dos valores de divergência genética interespecífica se encontram abaixo de 3%, e 3,7% das comparações se encontram abaixo de 1% (Ward et al., 2009). Os resultados obtidos no presente trabalho revelaram que 54% das comparações entre as 256 espécies analisadas apresentaram valores médios de divergência genética interespecíficos menores que 5% e, 11% das comparações apresentaram valores abaixo de 2% (Figura 4). Estes resultados mostram que para uma grande parcela das espécies de peixes analisadas o valor de delimitação entre espécies fica próximo aos 2% sugerido por Ward et al. (2009). Esta observação reforça a hipótese de possíveis espécies novas para os casos apresentados acima devido à similaridade desses valores. No entanto, Frézal e Leblois (2008) alertam para o fato de que muitas espécies possuem uma forte estruturação genética entre suas populações com marcadas diferenças haplotípicas. Segundo os autores, este fato pode levar à obtenção de falsos positivos e levanta o questionamento de quais são os limites que definem populações e espécies.

Os mapas de distribuição gerados (Figuras 6) mostram que a maioria dos subgrupos formados são alopátricos, ocorrendo em sub-bacias hidrográficas distintas, reforçando a hipótese de constituírem unidades biológicas diferentes. Alguns autores sugerem a hipótese de que as espécies de pequeno porte possuem poder de dispersão limitado o que facilitaria sua subdivisão em populações distintas, possibilitando o processo de especiação por isolamento geográfico (alopatria) (Lowe-McConnell, 1999; Castro, 1999). A maioria das espécies que apresentou

divergência genética intra-específica elevada se enquadra na hipótese sugerida acima: pequeno porte e ampla distribuição geográfica, sendo atribuídas para toda a bacia do Alto rio Paraná. Além disso, muitas dessas espécies são caracterizadas como complexos de espécies em estudos citogenéticos (*Ancistrus cirrhosus* – Borin et al., 2010; *Iheringichthys labrosus* – Ribeiro et al., 2008 – *Synbranchus marmoratus* – Torres et al., 2005; *Astyanax paranae (scabripinnis)* – Vicari et al., 2008 – *A. fasciatus* – Pazza et al., 2008; *A. altiparanae* – Fernandes e Martins-Santos, 2004; *Bryconamericus exodon* – Paintner-Marques et al., 2002; *Hoplias lacerdae* – Morelli et al., 2007).

Duas espécies (*Hoplias intermedius* e *Pseudoplatystoma reticulatum*) apresentaram simpatria para os subgrupos formados (Figura 6). Estes casos podem revelar forte estruturação genética para essas espécies ou ainda um contato secundário entre linhagens distintas. Abreu et al. (2009) mostraram forte estruturação populacional para a espécie *Pseudoplatystoma reticulatum* e padrão semelhante foi encontrado para sua espécie congênere *P. corruscans* (Pereira et al., 2009). Os exemplares de *P. reticulatum* analisados, embora provenientes do mesmo local de coleta, foram capturados em momentos diferentes podendo pertencer a populações distintas, uma vez que a área amostrada é caracterizada como região de alimentação dessas espécies migradoras (Abreu et al., 2009; Pereira et al., 2009). Assim, a divergência genética encontrada pode representar a forte estruturação populacional atribuída à espécie. No entanto, devido aos poucos exemplares de *P. reticulatum* e *Hoplias intermedius* estudados, novas análises com maior número de indivíduos são necessárias para testar as hipóteses de estruturação populacional e especiação críptica nesses casos.

Muitas espécies têm sido descobertas com uso da metodologia de DNA *barcode* e descritas formalmente (Ward et al., 2008; Ward et al., 2007; Smith et al., 2005; Nguyen e Seifert, 2008; Yassin et al., 2008; Witt, 2006; Kon et al., 2007). Ward et al. (2008), estudando tubarões do gênero *Squalus*, observaram a formação de dois grupos para a espécie *Squalus acanthias*, as quais divergiam entre si por apenas 0,76%. No entanto, os autores verificaram que esses dois grupos eram considerados, até a década de 1960, duas espécies distintas, sendo que *S. acanthias* era atribuído aos oceanos Pacífico e Atlântico sul e *S. suckkeyi* para o Pacífico norte (ver Jensen, 1966) e sugeriram então a revalidação da segunda

espécie. Ornelas-Garcia et al. (2008), estudando espécies do gênero *Astyanax* da região mesoamericana encontraram um padrão semelhante com algumas espécies se subdividindo em grupos distintos com elevados suporte estatístico e divergência genética, sugerindo assim a existência de complexos de espécies para esse gênero e atribuindo nomes provisórios às possíveis novas espécies. Ward et al. (2008) trabalhando com espécimes da espécie *Lates calcarifer* provenientes de diferentes localidades (Austrália e Mianmar), encontram valores de divergência genética entre os grupos de 9,5% e 11,3% para os genes *COI* e *CytB*, respectivamente, e sugeriram se tratar de duas espécies distintas. Além da sinalização de possíveis novas espécies, o DNA *barcode* também já tem sido utilizado como parte formal na validação e descrição de espécies de peixes como *Coryphopterus kuna* (Victor, 2007); *Urolophus kapalensis* (Yearsley e Last, 2006); *Brachionichthys australis* (Last et al., 2007); cinco novas espécies do gênero *Chromis* (Pyle et al., 2008), *Dipturus argentinensis* (Diaz de Astarloa et al., 2008) e *Moenkhausia forestii* (Benine et al., 2009).

Os resultados aqui apresentados mostram a eficácia da metodologia por DNA *barcode* em sinalizar casos de possíveis espécies novas, revelando assim, a diversidade escondida para a ictiofauna Neotropical. No entanto, os resultados apresentados mostram que os valores de corte atribuídos na delimitação de espécies devem ser analisados com cautela, baseados no conhecimento prévio que se tem do grupo em estudo para se evitar casos de falsos positivos e/ou negativos. Todas essas espécies deverão passar por uma extensiva revisão taxonômica a fim de se confirmar ou refutar tal hipótese. Devido ao fato de muitos desses casos representarem, possivelmente, especiação críptica, análises integradas (morfológicas, citogenéticas, moleculares e ecológicas) serão necessárias e mostram-se promissoras na resolução satisfatória dos mesmos.

5.3. Casos específicos

5.3.1. *Piabina argentea*

Os espécimes do gênero *Piabina* se dividiram em sete diferentes grupos nas análises filogenéticas (Figura 7 e 8), evidenciando a profunda divergência genética

intra-específica média observada para a espécie *P. argentea* (3,1%). Um grupo representa a espécie *P. anhembi* e os outros seis representam a espécie *P. argentea*.

Os valores médios de divergência entre os grupos obtidos foram nove vezes maior do que o valor médio de divergência genética dentro de cada um (*COI* e *CytB* variaram de 5,6 a 15,6 vezes e de 4,6 a 10,8 vezes, respectivamente – Tabela 5) e o mais interessante a observar é o fato de que os valores médios de divergência genética entre os grupos de *P. argentea* formados são muito similares aos valores observados nas comparações entre os grupos de *P. argentea* com sua espécie congênere *P. anhembi* (média = 3% e 3,8% para o *COI* e *CytB*, respectivamente) o que reforça a hipótese de que *P. argentea* representa mais de uma espécie (Tabela 5). Estes dados mostram a ausência de fluxo gênico entre as amostras analisadas e permitem sugerir que *P. argentea* representa seis unidades biológicas distintas.

As redes de haplótipos obtidas para o conjunto de dados revelam a existência de sete redes haplotípicas independentes, com elevados números de passos mutacionais necessários para conectá-las (Figura 9). Esta situação não é esperada quando espécimes representam uma única espécie, até mesmo quando há forte estruturação genética entre as populações (Hart e Sunday, 2007). Alguns grupos de *P. argentea* formados necessitam de mais passos mutacionais para se conectarem entre si do que o necessário para se conectarem com sua espécie congênere *P. anhembi* (Figura 9). Assim, os resultados suportam a hipótese de que as amostras de *P. argentea* representam mais de uma unidade biológica. Kon et al. (2007) estudando peixes de três espécies nominais do gênero *Schindleria*, observaram em suas análises a formação de redes haplotípicas independentes e sugeriram que o gênero é formado por um complexo com pelo menos 21 espécies distintas.

O índice F_{ST} apresentou valores elevados nas comparações par-a-par entre os sete grupos formados, os quais foram similares aos encontrados nas comparações com *P. anhembi* (Tabela 6). Considerando que valores de F_{ST} entre 0 e 0,05, 0,05 e 0,15, 0,15 e 0,25 e acima de 0,25 representam baixa, moderada, alta e forte estruturação populacional, respectivamente, e que valores próximos a 1 são encontrados entre espécies diferentes (Wright, 1978; Hartl e Clark, 1997), os resultados obtidos confirmam a hipótese de que os seis grupos de *P. argentea* formados representam espécies diferentes.

A espécie *P. argentea* apresenta ampla distribuição geográfica (Figura 10) sendo atribuída para toda bacia do Alto rio Paraná e para bacias adjacentes (São Francisco, Paraíba do Sul e alguns rios costeiros) (Vari e Harold, 2001), enquanto que a espécie *P. anhembi* está restrita a localidade para a qual foi descrita (alto Tietê) (da Silva e Kaefer, 2003). Estas duas espécies diferem entre si por características muito sutis (da Silva e Kaefer, 2003), assim como de seu provável grupo irmão *Creagrutus* (Vari e Harold, 2001), o que torna bastante difícil sua identificação por caracteres morfológicos. Lowe-McConnell (1999), baseada em dados ecológicos, sugere que as populações de *Piabina* possuem um poder de dispersão muito limitado, restringindo sua distribuição. Castro (1999) também havia sugerido a hipótese de baixo poder de dispersão para espécies de pequeno porte, a qual facilitaria sua subdivisão em populações distintas possibilitando o processo de especiação por isolamento geográfico (alopatria). Assim, os resultados obtidos para a espécie *P. argentea* corroboram a hipótese de isolamento geográfico oriundo do baixo poder de migração sugerido por esses autores, o qual pode ter levado a formação de diferentes espécies dentro do gênero.

Os resultados apresentados sugerem que a espécie *P. argentea* representa pelo menos cinco espécies diferentes para a bacia do Alto rio Paraná e provavelmente outras espécies poderão ser descobertas quando analisadas amostras de outras bacias hidrográficas. Interessantemente, alguns grupos foram encontrados em apenas uma localidade (C, D, E e *P. anhembi*), enquanto outros aparecem amplamente distribuídos (A, B e F) (Figura 10). O fato dos grupos A, B e F apresentarem ampla distribuição, pode ser a causa do não reconhecimento prévio dessas possíveis espécies novas, uma vez que a área de sobreposição das mesmas pode confundir seu reconhecimento. Assim, uma ampla revisão no gênero *Piabina* será necessária para validar essas novas espécies (sensu Padial et al., 2010).

5.3.2. O gênero *Astyanax*

O gênero *Astyanax* é um dos mais especiosos da ictiofauna neotropical com 136 espécies descritas (Froese e Paulay, 2010), sendo encontrado desde o Texas até a Argentina (Zanata e Camelier, 2009). Suas espécies são caracterizadas por possuírem uma ampla plasticidade e grande capacidade de adaptação nos mais

diversos tipos de ambientes (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Medrado et al., 2008; Ornelas-Garcia et al., 2008). As relações filogenéticas dentro do grupo permanecem incertas, com o gênero aparecendo para- e/ou polifilético nas análises realizadas, sejam elas com dados morfológicos ou moleculares (Weitzman e Malabarba, 1998; Lima et al., 2003; Mirande, 2009; Javonillo et al., 2010).

Estudos citogenéticos têm sugerido a existência de complexos de espécies dentro de três grandes grupos de espécies do gênero *Astyanax* (*Bimaculatus*, *Fasciatus* e *Scabripinnis*) (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Fernandes e Martins-Santos, 2004; Pazza et al., 2006; Vicari et al., 2008; Medrado et al., 2008; Pazza et al., 2008; Kantec et al., 2008). Por exemplo, em *A. scabripinnis* (*A. paranae* no Alto Paraná) e *A. fasciatus* são reportados números cromossômicos de $2n=46$, $2n=48$ e $2n=50$ para diferentes amostras/populações, além de inúmeras fórmulas cariotípicas distintas (Moreira-Filho e Bertolo, 1991, Pazza et al., 2006; Pazza et al., 2008; Kantec et al., 2008). Segundo esses mesmos autores, embora existam grandes diferenças no nível cromossômico, a diferenciação morfológica dos indivíduos com diferentes citótipos é impraticável devido à ausência de caracteres diagnósticos, caracterizando assim os complexos de espécies.

Os resultados obtidos corroboraram a existência dos três grupos de espécies atribuídos ao gênero, os quais formaram agrupamentos com altos valores de suporte estatístico na análise por NJ (Figura 12). O grupo *Bimaculatus* (*A. abramis* e *A. altiparanae*) apresentou elevados valores de divergência genética (>15%) nas comparações com aos demais grupos de espécies estudados (Tabela 9), sugerindo que a divisão entre as linhagens deste e dos demais grupos é mais antiga. No outro extremo, os grupos *Scabripinnis* e *Fasciatus* apresentaram baixos valores de divergência genética entre si (3,3%) dando indício de pertencerem à linhagens que se dividiram mais recentemente. Esta possível situação é observada na identificação das espécies desses grupos por meio do uso de caracteres morfológicos, nos quais os exemplares representantes do grupo *Bimaculatus* são facilmente distinguíveis dos demais grupos por possuírem caracteres de fácil reconhecimento (ex. mancha umeral ovalada horizontalmente), enquanto que para os grupos *Fasciatus* e *Scabripinnis* existe uma sobreposição nos caracteres utilizados, dificultando sua separação.

As análises realizadas com as nove espécies do gênero *Astyanax* reportadas para a bacia do Alto rio Paraná revelaram a complexidade que existe dentro do gênero. A análise por distância genética permitiu a identificação de apenas duas espécies (Tabela 7), e as análises por NJ e nucleotídeo diagnóstico permitiram a identificação de mais três delas, totalizando cinco das nove espécies analisadas (Figura 13 e 14). Além disso, a análise por NJ permitiu a identificação de subgrupos estruturados para três espécies (*A. altiparanae*, *A. fasciatus* e *A. paranae*) com altos valores de suporte estatístico (Figura 13, 14 e 15), porém as comparações de distância genética par-a-par entre esses subgrupos mostrou que apenas para a espécie *A. altiparanae* o valor encontrado permite identificar com clareza duas unidades genéticas distintas que podem representar especiação críptica (Tabela 9).

Os subgrupos formados para as espécies *A. fasciatus* e *A. paranae* apresentam valores de divergência genética entre si extremamente baixos, em sua maioria abaixo do valor de 2% adotado para a delimitação de espécies (Tabela 9). No entanto, devido ao fato de outros pares de espécies nominais do gênero *Astyanax* apresentarem valores de divergência genética interespecíficas abaixo de 2% (Tabela 7), esses subgrupos foram analisados com mais detalhes.

O par de espécies *A. schubarti*/*A. trierythropterus*, aqui denominados grupo Schubarti, apresentaram sobreposição de suas sequências *barcode* o que impediu a discriminação destas espécies pelas metodologias aplicadas (Tabela 7 e Anexo 3 – em amarelo). Do ponto de vista citogenético, *A. schubarti* é facilmente distinguível das demais espécies do gênero presentes na bacia do Alto rio Paraná por apresentar $2n=36$ cromossomos contra $2n=46$ a $2n=50$ para a maioria das outras espécies (Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Daniel-Silva e Almeida-Toledo, 2005), porém o cariótipo de *A. trierythropterus* ainda não foi estudado. Por outro lado, Castro (com. pess.) sugere que ambas as espécies representam, na verdade, *A. schubarti* propondo assim a sinonimização de *A. trierythropterus* à última espécie. Estudos citogenéticos em espécimes de *A. trierythropterus* podem auxiliar na elucidação deste caso.

A espécie *A. altiparanae* apresenta distribuição por toda a bacia do Alto rio Paraná sendo a única espécie do grupo Bimaculatus reconhecida para esta região (Garutti e Britski, 2000; Moysés e Almeida-Toledo, 2002). Esta espécie apresentou 4,1% de divergência genética para a espécie do mesmo grupo, *A. abramis*,

permitindo à correta identificação de ambas as espécies. Por outro lado, os exemplares de *A. altiparanae* analisados se dividiram em dois subgrupos com alto suporte estatístico e divergência genética de 2,6% entre eles (Tabelas 9). Estudos citogenéticos já haviam apontado a existência de diferenças cariotípicas nas populações de *A. altiparanae* na bacia do Alto rio Paraná (Pacheco et al., 2001; Porto e Martins-Santos, 2002; Fernandes e Martins-Santos, 2004) e os autores sugeriram a existência de um complexo de espécies. O mapa de distribuição geográfica desses subgrupos mostra que, embora exista um aparente predomínio de uma ou outra linhagem em sub-bacias distintas, há sobreposição na ocorrência de ambas (Figura 15). No entanto, o alto valor de divergência genética observado entre as duas linhagens de *A. altiparanae* contra os baixos valores de divergência genética intra-específica, associados aos dados citogenéticos disponíveis, permitem sugerir que esta espécie representa um complexo com pelo menos duas espécies. A sobreposição geográfica observada por essas linhagens pode ser devida a um evento de contato secundário. Porém, estudos com um número maior de amostras e áreas analisadas e o uso conjunto de dados (moleculares, morfológicos e ecológicos) serão necessários para se tentar entender o processo de especiação e dispersão dentro deste grupo, os quais poderão confirmar a hipótese de existência de duas espécies.

As espécies do grupo *Fasciatus* (*A. fasciatus* e *A. biotae*) apresentaram sobreposição nos valores de divergência genética, não podendo ser discriminadas (Tabela 7). A análise por NJ não mostrou monofiletismo recíproco e a análise por ND não apontou nenhum nucleotídeo diagnóstico (Figura 14 – considerando *A. fasciatus* um único conjunto). Os exemplares de *A. fasciatus* provenientes da bacia do rio São Francisco também não puderam ser discriminados dos exemplares da bacia do Alto rio Paraná (Figura 14 – considerando os demais exemplares de *A. fasciatus* um único conjunto). Estes casos podem refletir uma possível radiação evolutiva recente para as diferentes linhagens de espécies deste grupo ou ainda revelar que se trata de uma única espécie. De modo geral, os exemplares de *A. fasciatus* analisados apresentaram-se estruturados em cinco subgrupos distinguíveis pelo método de NJ (Tabela 9 e Figura 14), caracterizando a existência de possíveis linhagens distintas. *A. fasciatus* está amplamente distribuído pelos rios da Américas do Sul e Central (Garutti e Britski, 2000; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Medrado et al., 2008;

Ornelas-Garcia et al., 2008) e como já apresentado acima, diversos trabalhos tem caracterizado a espécie como um complexo, baseado em dados citogenéticos ou moleculares (Almeida-Toledo, 2002; Medrado et al., 2008; Ornelas-Garcia et al., 2008). Por exemplo, nas populações da bacia do Alto rio Paraná são encontrados três números cromossômicos diferentes (Medrado et al., 2008; Pazza et al., 2008).

Da mesma forma, as espécies analisadas do grupo Scabripinnis (*A. paranae*, *A. bockmanni* e *A. rivularis*) apresentaram baixos valores de divergência genética interespecífica (< 2%, Tabela 7), não permitindo suas identificações. Estas espécies só puderam ser separadas pela utilização de outros métodos, como NJ e ND (Figura 13). A comparação das espécies do grupo Scabripinnis provenientes de diferentes bacias hidrográficas (*A. paranae* e *A. bockmanni* (Alto Paraná) X *A. rivularis* (São Francisco)) apresentou valores de divergência menores que 2% (Tabela 7), sendo distinguíveis apenas pela aplicação dos outros métodos abordados (NJ e ND – Figuras 13). Como no caso da espécie *A. fasciatus*, esses resultados podem refletir um processo de radiação evolutiva recente para essas linhagens ou o fato de comporem uma única espécie. Os exemplares de *A. paranae* apresentaram-se divididos em cinco subgrupos reconhecíveis pelo método de NJ (Figura 13) revelando assim a existência de possíveis linhagens distintas. *A. paranae* apresenta-se amplamente distribuída por toda a bacia do Alto rio Paraná, porém restritas a pequenos rios e regiões de cabeceira (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Vicari et al., 2008). Como as demais espécies já citadas, *A. paranae* é reconhecida como um complexo de espécies, baseado em dados citogenéticos e/ou moleculares com marcadas diferenças no nível cromossômico (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Vicari et al., 2008).

Os mapas de distribuição geográfica para os subgrupos de *A. fasciatus* e *A. paranae* mostram, assim como para a espécie *A. altiparanae*, um padrão de distribuição complexo (Figuras 13 e 14), onde se observa que existe uma segregação geográfica entre as diferentes linhagens, porém, com pontos de sobreposição entre eles, os quais podem ser consequência de um contanto secundário.

Como mencionado acima, os baixos valores de divergência genética observados entre as espécies de *Astyanax* pertencentes a um mesmo grupo e entre os subgrupos formados podem refletir um processo de radiação recente para as

espécies deste gênero ou ainda uma taxa de mutação do gene *COI* excepcionalmente baixa. Como visto em tópicos anteriores, as taxas de mutação do gene *COI* podem variar entre e até mesmo dentro de grupos (Krieger e Fuerst, 2002; Frézal e Leblois, 2008; Ward et al., 2009). No entanto, a existência de outras espécies dentro do gênero que apresentam altos valores de divergência genética para seus congêneres, como é o caso das comparações das espécies dos grupos *Fasciatus* e *Scabripinnis* com as espécies *A. schubarti*, *A. altiparanae* e *A. abramis* (Tabela 7) e mesmo destas últimas entre si, sugerem que a taxa de evolução do gene *COI* não seja um fator limitante para a delimitação das espécies do gênero. Esta situação pode ser confirmada observando-se o fato de que para o conjunto total de espécies da família Characidae (57 espécies) analisadas, aproximadamente 70% (39 espécies) apresentam valores de divergência genética para seu “vizinho mais próximo” maiores que 2,7%, evidenciando que as taxas de mutação para o gene *COI* sejam suficientemente elevadas para permitir a discriminação de espécies mesmo considerando uma radiação recente para a ictiofauna Neotropical, como sugerido por Montoya-Burgos (2003) e Hubert et al. (2007). Assim, a hipótese mais provável da não separação da maioria das espécies do gênero *Astyanax* pertencentes aos grupos *Fasciatus* e *Scabripinnis* é a de radiação recente de suas linhagens, a qual é refletida nos baixos valores de divergência genética encontrados. Ornelas-Garcia et al. (2008) estudando os processos evolutivos do gênero *Astyanax* para a região mesoamericana, sugeriram que o processo de radiação e evolução das espécies do gênero presentes naquela região são recentes, fato este refletido nos valores de divergência genética interespecíficas observados pelos autores que, em mais de 90% dos casos ficaram entre 1% e 5%. Os autores sugerem ainda, baseados nessas observações, a existência de diversas espécies novas. Outros trabalhos com espécies de peixes neotropicais sugerem esse mesmo padrão de radiação recente (Perdices et al., 2002, 2005; Montoya-Burgos, 2003; Hubert et al., 2008). Esta situação é representada no presente estudo, onde se verifica que aproximadamente 57% das comparações entre congêneres e 43% das comparações entre todo o conjunto de espécies, apresentam valores de divergência genética abaixo de 5%.

Os dados apresentados permitem concluir que a hipótese de especiação críptica dentro das espécies de *A. fasciatus* e *A. paranae* é plausível, bem como a

validade das demais espécies pertencentes a estes grupos. Esta observação se sustenta: no fato de existirem estudos citogenéticos que mostram a grande variação no número e fórmulas cromossômicas encontrados entre populações de diversas espécies de *Astyanax* (Fernandes e Martins-Santos, 2004; Vicari et al., 2008; Pazzo et al., 2008); no fato de as espécies de *Astyanax* apresentarem acentuada plasticidade e capacidade de adaptação a novos ambientes com incrível rapidez (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Medrado et al., 2008; Ornelas-Garcia et al., 2008; Kavalco et al., 2009) e; no fato de que a grande maioria das espécies de *Astyanax* possui poder de dispersão limitado, com muitas espécies vivendo isoladas em pequenos riachos e regiões de cabeceiras que, associado a ampla distribuição geográfica apresentada por essas espécies, podem conduzir a processos de isolamento geográfico (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Medrado et al., 2008; Ornelas-Garcia et al., 2008).

Por outro lado, vale ressaltar que os baixos valores de divergência genética interespecífica encontrados dentro desses grupos e entre os subgrupos formados em *A. paranae* e *A. fasciatus* (< 2%) podem refletir apenas uma forte estruturação populacional associado ao baixo poder de dispersão exibidos por essas espécies. Frézal e Leblois (2008) atentam a esta problemática indicando que espécies fortemente estruturadas podem possuir valores de divergência intra-específica elevados, próximos aos valores de limite entre espécies. Outros autores têm apontado para o fato de que uma ampla amostragem em toda área de ocorrência das espécies é necessária para se obter a totalidade da variação intra-específica e assim definir os limites entre as espécies (Hebert et al., 2003; Ward et al., 2005; DeSalle et al., 2005; Frézal e Leblois, 2008). Esses casos podem levar a identificação de falsos positivos, atribuindo-se o *status* de espécie a diferentes populações de uma única espécie (Wiemers e Fiedler, 2007). As espécies do gênero *Astyanax* são reconhecidas, como já citado anteriormente, pela sua acentuada plasticidade e capacidade de adaptação a novos ambientes com incrível rapidez (Moreira-Filho e Bertolo, 1991; Moysés e Almeida-Toledo, 2002; Medrado et al., 2008; Ornelas-Garcia et al., 2008; Kavalco et al., 2009). Esta característica, associada à diversidade de micro-habitats povoados por essas espécies podem levar a seleção de características favoráveis localmente, que seriam percebidas, mais tarde, como diagnoses para diferentes espécies, levando a descrição de

morfotipos. No entanto, estes podem ser os primeiros passos no processo de especiação dessas linhagens e, assim, estaríamos presenciando o tênue limite que delimita populações e espécies.

Resta a dúvida se as espécies e subgrupos de *Astyanax* pertencentes aos grupos *Fasciatus* e *Scabripinnis* representam diferentes populações ou espécies. Os dados obtidos no presente trabalho não nos permitem concluir a favor de nenhuma das duas hipóteses. Porém, mostram-se altamente relevantes em sinalizar táxons que necessitam de estudos mais aprofundados para se entender seus processos de evolução e dispersão. Nestes casos o uso integrado de ferramentas morfológicas, citogenéticas, moleculares e ecológicas torna-se necessário para responder questões desse tipo e permitir o avanço do conhecimento dos processos biológicos e evolutivos que regem a complexa e diversa fauna e flora neotropicais. Nesse contexto, as espécies do gênero *Astyanax* mostram-se um excelente modelo para a condução desse tipo de abordagem.

Conclusões

6. CONCLUSÕES

Os resultados apresentados no presente trabalho permitem concluir:

- 1- A metodologia de identificação molecular por DNA *barcode* é bastante eficaz na identificação das espécies de peixes pertencentes à bacia do Alto rio Paraná com resolução de 90%;
- 2- A atribuição de valores de corte para delimitação de espécies deve ser feita com critério e cautela considerando-se a variação natural que existe dentro de cada grupo.
- 3- O uso combinado de diferentes abordagens de análise para os dados de DNA *barcode* é bastante útil e eficaz, permitindo a discriminação de espécies mesmo com valores de divergência genética baixos;
- 4- A metodologia de DNA *barcode* permitiu a identificação de aproximadamente 30 possíveis espécies novas para a bacia do Alto rio Paraná, caracterizando-se em uma ferramenta extremamente útil para a descoberta da diversidade escondida para esta bacia hidrográfica.

*Referências
Bibliográficas*

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AB'SABER, A. N. O problema das conexões antigas e da separação da drenagem do Paraíba e Tietê. **Boletim Paulista de Geografia**, v. 26, p. 38-49, 1957.

AB'SABER, N. A. Megageomorfologia do território brasileiro. In: CUNHA, S. B. e GUERRA, A. J. T. (Eds). **Geomorfologia do Brasil**. Rio de Janeiro: Bertand Brasil, 1998. p. 71-106.

ABDO, Z.; GOLDING, G. B. A step toward barcoding life: a model-based, decision- theoretic method to assign genes to preexisting species groups. **Syst. Biol.**, v. 56, p. 44–56, 2007.

ABREU, M. M.; PEREIRA, L. H. G.; VILA, V. B.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, C. Genetic variability of two populations of *Pseudoplatystoma reticulatum* from the upper Paraguay river basin. **Genetics and Molecular Biology**, v. 32, n. 4, p.868-873, 2009.

AGOSTINHO, A. A.; PELICICE, F. M.; PETRY, A. C.; GOMES, L. C.; JÚLIO JR., H. F. Fish diversity in the upper Paraná River basin: habitats, fisheries, management and conservation. **Aquatic Ecosystem Health & Management**, v. 10, n. 2, 174-186, 2007.

AGOSTINHO, A. A.; JÚLIO JR., H. F. Peixes da bacia do Alto Rio Paraná. In LOWE-MCCONNELL, R. H. (Ed). **Estudos Ecológicos de Comunidades de Peixes Tropicais**, São Paulo: Edusp, 1999. p. 374-400.

ALJANABI, S. M.; MARTINEZ, I. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. **Nucleic Acids Research**, v. 25, n. 22, p. 4692-4693, 1997.

ALMEIDA-TOLEDO, L. F.; OZOUF-COSTAZ, C.; FORESTI, F.; BONILO, C.; PORTO-FORESTI, F.; DANIEL-SILVA, M. F. Z.. Conservation of the 5S-bearing chromosome pair and co-localization with major rDNA clusters in five species of *Astyanax* (Pisces, Characidae). **Cytogenetic and Genome Research**, v. 97, p. 229–233, 2002.

ANANTHASWAMY, A. Scene set for next mass extinction. **New Scientist Mar**, v. 27, 2004.

ANKER, A.; HURT, C.; KNOWLTON, N. Revision of the *Alpheus nuttingi* (Schmitt) species complex (Crustacea:Decapoda:Alpheidae), with description of a new species from the tropical eastern Pacific. **Zootaxa**, v. 1577, p. 41–60, 2007.

ARDURA, A.; LINDE, A. R.; MOREIRA, J. C.; GARCIA-VAZQUEZ, E. DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. **Biological Conservation**, v. 143, n. 6, p, 1438-1443, 2010.

ARMSTRONG, K. F.; BALL, S. L. DNA barcodes for biosecurity: invasive species identification. **Philos. T. Roy. Soc. B**, v. 360, p. 1813–1823, 2005.

ARON, S. L.; SOLÉ-CAVA, A. M. Genetic evaluation of the taxonomic status of two varieties of the cosmopolitan ascidian *Botryllus niger* (Ascidiacea: Botryllidae). **Biochem. Syst. Ecology**, v.19, p.271-276, 1991.

PAZZA, R.; KAVALCO, K. F.; BERTOLLO, L. A. C. Chromosome Polymorphism in *Astyanax fasciatus* (Teleostei, Characidae). 1 - Karyotypic analysis, Ag-NORs and mapping of the 18S and 5S ribosomal

genes in sympatric karyotypes and their possible hybrid forms. **Cytogenet Genome Res**, v. 112, p. 313-319, 2006.

AVISE, J. C. **Molecular markers, natural history and evolution**. New York: Chapman & Hall, 1994.

BALL, S. L.; ARMSTRONG, K. F. DNA barcodes for insect pest identification: a test case with tussock moths (Lepidoptera: Lymantriidae). **Canadian Journal of Forest Research**, v. 36, p. 337–350, 2006.

BALL, S. L.; HEBERT, P. D. N.; BURIAN, S. K.; WEBB, J. M. Biological identification of mayflies (Ephemeroptera) using DNA barcodes. **J. North Am. Benthol Soc**, v. 24, p. 508–524, 2005.

BENINE, R. C., MARIQUELA, T. C., OLIVEIRA, C. New species of *Moenkhausia* Eigenmann, 1903 (Characiformes: Characidae) with comments on the *Moenkhausia oligolepis* species complex. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, n. 2, p. 161-168, 2009.

BICKFORD, D.; LOHMAN, D. J.; SODHI, N. S.; NG, P. K. L.; MEIER, R.; WINKER, K.; INGRAM, K. K.; DAS, I. Cryptic species as a window on diversity and conservation. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 22, n. 3, p. 148-155, 2007.

BONETTO, A. A. Fish of the Paraná system. In: DAVIES, B. R.; WALKER, K. F. (Eds). **The Ecology of River Systems**, Dordrecht: Dr W. Junk, 1986. p. 573–588.

BORIN, L.A.; PRIZON, A.C.; NISHIYAMA, P.B.; PORTO, F.E.; ZAWADZKI, C.H.; SANTOS, I.C.M.; PROTELA-CASTRO, A.L.B. Estudos citogenéticos em três populações de *Ancistrus* aff. *cirrhosus* (Siluriformes, Loricariidae) da bacia do alto Paraná, PR. In: Congresso Brasileiro de Genética, 56°, 2010, Guarujá, SP. *Anais...* Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2010. Disponível em: <<http://web2.sbg.org.br/congress/sbg2008/pdfs2010/GA122-33865.pdf>>. Acesso em 15/12/2010.

Brasil. Ministério do Meio Ambiente. Espécies ameaçadas de extinção. 2010. Disponível em: <<http://www.mma.gov.br/sitio/index.php?ido=conteudo.monta&idestrutura=179>>. Acesso em: 15 dez. 2010.

BRITSKI, H.; SATO, Y.; ROSA, A. B. S. **Manual de identificação de peixes da região de Três Marias**. 3a ed. Brasília: CODEVASF, 1988. 115p.

BRITSKI, H. A.; LANGEANI, F. *Pimelodus paranaensis*, sp.n., um novo Pimelodidae (Pisces, Siluriformes) do Alto Paraná, Brasil. **Revta Bras. Zool**, v. 5, n. 3, p. 409-417, 1988.

BRITTO, M. R.; CASTRO, R. M. C. New Corydoradine catfish (Siluriformes: Callichthyidae) from the upper Paraná and São Francisco: the sister group of Brochis and most of Corydoradinae species. **Copeia**, v. 2002, n. 4, p. 1006-1015, 2002.

BROWER, A. V. Z. Problems with DNA barcodes for species delimitation: 'ten species' of *Astrartes fulgerator* reassessed (Lepidoptera: Hesperidae). **Systematics and Biodiversity**, v.4, p. 127–132, 2006.

BUCKLIN, A.; WIEBE, P.H.; SMOLENACK, S.B.; COPLEY, N.J.; BEAUDET, J.G.; BONNER, K.G.; FARBER-LORDA, J.; PIERSON, J.J. DNA barcodes for species identification of euphausiids (Euphausiacea, Crustacea). **J. Plankton Res**, v.29, p. 483–493, 2007.

BUCKUP, P. A.; MENZES, N. A.; GHAZZI, M. S. Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil. Rio de Janeiro, Brasil: Museu Nacional, 2007.

CAI, Y.; YUE, B.; JIANG, W.; XIE, S.; LI, J.; ZHOU, M. DNA barcoding on subsets of three families in Aves. *Mitochondrial DNA*, v. 21, n.3-4, p. 132-137. 2010.

CASTRO, R. M. C.; CASATTI, L.; SANTOS, H. F.; FERREIRA, K. M.; RIBEIRO, A. C.; BENINE, R. C.; DARDIS, G. Z. P.; MELO, A. L. A.; ABREU, T. X.; BOCKMANN, F. A.; CARVALHO, M.; GIBRAN, F. Z.; LIMA, F. C. T.. Estrutura e composição da ictiofauna de riachos do Rio Paranapanema, sudeste e sul do Brasil. *Biota Neotropica*, v. 3, n. 1, 2003. Disponível em: <<http://www.biotaneotropica.org.br/v3n1/pt/abstract?article+BN0170301>>. Acesso em: 15 Jul. 2010.

CASTRO, R. M. C.; CASATTI, L.; SANTOS, H. F.; MELO, A. L. A.; MARTINS, L. S. F.; FERREIRA, K. M.; GIBRAN, F. Z.; BENINE, R. C.; CARVALHO, M.; RIBEIRO, A. C.; ABREU, T. X.; BOCKMANN, F. A.; DARDIS, G. Z. P.; STOPIGLIA, R.; LANGEANI, F. Estrutura e composição da ictiofauna de riachos da bacia do Rio Grande, no Estado de São Paulo, Sudeste do Brasil. *Biota Neotropica*, v. 4, n. 1, 2004. Disponível em: <<http://www.biotaneotropica.org.br/v4n1/pt/abstract?article+BN0170402004>>. Acesso em: 15 Jul. 2010.

CASTRO, R. M. C. Evolução da ictiofauna de riachos sul-americanos: padrões gerais e possíveis processos. In: CARAMASCHI, E. P. R.; MAZZONI, R.; PERES- NETO, P. R. (Ed.). **Ecologia de peixes de riachos**, Rio de Janeiro: PPGE-UFRJ, 1999, p.139-155. (Série Oecologia Brasiliensis).

CASTRO, R.M.C.; MENEZES, N.A. Estudo diagnóstico da diversidade de peixes do Estado de São Paulo. In: CASTRO, R. M. C. (Ed.). Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: **Síntese do conhecimento ao final do século XX, 6: vertebrados**. São Paulo: WinnerGraph, 1998. p. 1-13.

CASTRO, R. M. C.; CASATTI, L.; SANTOS, H. F.; VARI, R. P.; MELO, A. L. A.; MARTINS, L. S. F.; ABREU, T. X.; BENINE, R. C.; GIBRAN, F. Z.; RIBEIRO, A. C.; BOCKMANN, F. A.; CARVALHO, M.; PELIÇÃO, G. Z.; FERREIRA, K. M.; STOPIGLIA, R.; AKAMA, A. Structure and composition of the stream ichthyofauna of four tributary rivers of the upper Rio Paraná basin, Brazil. *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, v.16, n. 3, p. 193-214, 2005.

CHANG, C. H.; ROUGERIE, R.; CHEN, J.H. Identifying earthworms through DNA barcodes: Pitfalls and promise. *Pedobiologia*, v.52, n.3, p.171-180, 2009.

CHASE, M. W.; SALAMIN, N.; WILKINSON, M.; DUNWELL, J. M.; KESANAKURTHI, R. P.; HAIDAR, N.; SAVOLAINEN, V. Land plants and DNA barcodes: short-term and long- term goals. *Phil. Trans. R. Soc. B*, v. 360, 2005.

CHOWN, S. L.; SINCLAIR, B. J.; JANSEN VAN VUUREN, B. DNA barcoding and the documentation of alien species establishment on sub-Antarctic Marion Island. *Polar Biology*, v. 31, p. 651–655, 2008.

CLARE, E.L.; LIM, B. K.; ENGSTROM, M. D.; EGER, J. L.; HEBERT, P. D. N. DNA barcoding of Neotropical bats: species identification and discovery within Guyana. *Molecular Ecology Notes*, v. 7, p. 184-190, 2007.

CLEMENT, M.; POSADA, D.; CRANDALL, K. A. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, v. 9, p. 1657-1659, 2000.

COSTA, F. O.; DEWAARD, J. R.; BOUTILLIER, J.; RATNASINGHAM, S.; DOOH, R. T.; HAJIBABAEI, M.; HEBERT, P. D. N. Biological identifications through DNA barcodes: the case of the Crustacea. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 64, p. 272–295, 2007.

COX, C. B.; MOORE, P.D. Biogeography, an ecological and evolutionary approach. **Blackwell Science**, London, 2000.

DA SILVA, J. F. P.; KAEFER, C. C. Uma nova espécie de *Piabina* Reinhardt, 1867 (Teleostei: Ostariophysi: Characidae) para o alto Rio Tietê, São Paulo, Brasil. **Comun. Mus. Ciênc. Technol. PUCRS**, Porto Alegre, v. 16, n. 1, p. 53-65, 2003. (Sér. Zool.).

DANIEL-SILVA, M. F. Z.; ALMEIDA-TOLEDO, L. F. Chromosome evolution in fish: BrdU replication patterns demonstrate chromosome homeologies in two species of the genus *Astyanax*. **Cytogenet Genome Res**, v.109, p.497-501, 2005.

DASMAHAPATRA, K. K.; MALLET, J. DNA barcodes: recent successes and future prospects. **Heredity**, v. 97, p.254–255, 2006.

DE QUEIROZ, K. Ernest Mayr and the modern concept of species. **PNAS**, v.102, p.6600-6607, 2005.

DE QUEIROZ, K. Species concepts and species delimitation. **Systematic Biology**, v. 56, n. 6, p. 879-886, 2007.

DESALLE, R. Species discovery versus species identification in DNA barcoding efforts: response to Rubinoff. **Conservation Biology**, v. 20, n. 5, p. 1545–1547, 2006

DESALLE, R.; EGAN, M. G.; SIDDALL, M. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. **Philos. Trans. R. Soc. B**, v. 360, p. 1905–1916, 2005.

DIAZ DE ASTARLOA, J. M.; MABRAGANA, E.; HANNER, R.; FIGUEROA, D. E. Morphological and molecular evidence for a new species of longnose skate (Rajiformes: Rajidae: Dipturus) from Argentinean waters based on DNA barcoding. **Zootaxa**, v. 1921, p. 35-46, 2008.

EBACH, M. C.; HOLDREGE, C. DNA barcoding is no substitute for taxonomy. **Nature**, v. 434, p. 697, 2005.

ELIAS, M.; HILL, R. I.; WILLMOTT, K. R.; et al. Limited performance of DNA barcoding in a diverse community of tropical butterflies. **Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences**, v. 274, p. 2881–2889, 2007

EXCOFFIER, L.; LAVAL, G.; SCHNEIDER, S. Arlequin ver.3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. **Evolutionary Bioinformatics Online**, v.1, p. 47–50, 2005.

FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. **Evolution**, v.39, p. 783-791, 1985.

FERNANDES, C. A.; MARTINS-SANTOS, I. C. Cytogenetic studies in two populations of *Astyanax altiparanae* (Pisces, Characiformes). **Hereditas**, v. 141, p. 328-332, 2004.

FERRARIS JR, C. J. Checklist of catfishes, recent and fossil (Osteichthyes: Siluriformes), and catalogue of siluriform primary types. **Zootaxa**, v. 1418, p. 1-300, 2007.

FINK, S. V.; FINK, W. L. Interrelationships of the ostariophysan fishes (Teleostei). **Zool. J. Linn. Soc. Lond.**, v.72, p. 297-353, 1981.

FRÉZAL, L. E.; LEBLOIS, R. Four years of DNA barcoding: current advances and prospects. **Infection, Genetics and Evolution**, v. 8, n. 5, p. 727-736, 2008.

FROESE, R.; PAULY, D. Editors. FishBase.World Wide Web electronic publication.www.fishbase.org, version (11/2010), 2010.

GALVES, W.; SHIBATTA, O. A.; JEREP, F. C. Fish, Taquara river basin, northern of the state of Paraná, Brazil. **Check List**, Rio Claro, v. 3, n. 3, p. 353-359, 2007.

GALVES, W.; SHIBATTA, O.; JEREP, F. Estudos sobre a diversidade de peixes da bacia do alto rio Paraná: uma revisão histórica. **Semina: Ciências Biológicas e da Saúde**, Londrina, v. 30, n. 2, p. 141-154, 2009.

GARUTTI, V.; BRITSKI, H. A. Descrição de uma espécie nova de *Astyanax altiparanae* (Teleostei, Characidae) da bacia do alto do rio Paraná e considerações sobre as demais espécies do gênero na bacia. **Comum. Mus Ciênc Tecnol PUCRS**, v. 13, p. 65-88, 2000.

GODFRAY, H.C.J.. Linnaeus in the information age. **Nature**, v. 446, p. 259–260, 2007.

GOMEZ, A.; WRIGHT, P. J.; LUNT, D. H.; CANCINO, J. M.; CARVALHO, G. R.; HUGHES, R. N. Mating trials validate the use of DNA barcoding to reveal cryptic speciation of a marine bryozoan taxon. **Proc. R. Soc. Lond. B**, v. 274, p. 199–207, 2007.

GRAÇA, W. J.; PAVANELLI, C. S. **Peixes da planície de inundação do Alto Rio Paraná e áreas adjacentes**. 1 ed. Maringá: EDUEM, 2007. 241 p.

GREENSTONE, M. H.; ROWLEY, D. L.; HEIMBACH, U.; LUNDGREN, J. G.; PFANN-ENSTIEL, R. S.; REHNER, S. A. Barcoding generalist predators by polymerase chain reaction: carabids and spiders. **Molecular Ecology**, v. 14, p. 3247–3266, 2005.

GUSMÃO, J.; LAZOSKI, C.; SOLÉ-CAVA, A. M. A new species of *Penaeus* (Crustacea: Penaeidae) revealed by allozyme and cytochrome oxidase I analyses. **Mar. Biol.**, v.137, p.435-446, 2000.

HAJIBABAEI, M.; DEWAARD, J. R.; IVANOVA, N. V.; et al. Critical factors for assembling a high Volume of DNA barcodes. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences**, v. 360, p. 1959–1967, 2005.

HAJIBABAEI, M.; JANZEN, D. H.; BURNS, J. M.; HALLWACHS, W.; HEBERT, P. D.N. DNA barcoding distinguishes species of tropical Lepidoptera. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, v. 103, p. 968–971, 2006.

HAJIBABAEI, M.; SMITH, M. A.; JANZEN, D. H.; RODRÍGUEZ, J. J.; WHITFIELD, J. B.; HEBERT, P. D. N. A minimalist barcode can identify a species whose DNA is degraded. **Molecular Ecology Notes**, v. 6, p. 959–964, 2006a.

HAJIBABAEI, M. et al. Design and applicability of DNA arrays and DNA barcodes in biodiversity monitoring. **BMC Biology**, v.5 n.24, p.1-15, 2007.

- HALL, T.A.. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symp. Ser.**, v. 41, p. 95–98, 1999.
- HAMMOND, P. Species inventory. In: Groombridge, B. (Ed). **Global biodiversity: status of the earth's living resources**. London: Chapman & Hall, 1992, p. 17-39.
- HANDFIELD, D.; HANDFIELD, L. A new species of *Plusia* (Lepidoptera: Noctuidae) from North America. **Canadian Entomologist**, v. 138, p. 853–859, 2006.
- HART, M. W.; SUNDAY, J. Things fall apart: biological species form unconnected parsimony networks. **Biology Letters**, v. 3, p. 509-512, 2007.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. Principles of Population Genetics. Sunderland: Sinauer Associates, 1997.
- HEBERT, P. D. N.; STOECKLE, M. Y.; ZEMLAK, T. S.; FRANCIS, C. M. Identification of birds through DNA barcodes. **PLoS Biol.**, v. 2, p. 1657-1663, 2004a.
- HEBERT, P. D. N.; PENTON, E. H.; BURNS, J. M.; JANZEN, D. H.; HALLWACHS, W. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrapes fulgerator*. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v. 101, p. 14812-14817, 2004b.
- HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DE WAARD, J. R. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. **Proc. R. Soc. Lond. B**, v. 270, p. S596-S599, 2003.
- HOGG, I. D.; HEBERT, P. D. N. Biological identification of springtails (Hexapoda: Collembola) from the Canadian Arctic, using mitochondrial DNA barcodes. **Can. J. Zool.**, v. 82, p. 749–754, 2004.
- HOWKSWORTH, D. L.; KALLIN-ARROYO, M. T. Magnitude and distribution of biodiversity. In: HEYWOOD, V. H. (Ed). **Global biodiversity assessment**. Cambridge University Press, 1995, p. 107-191.
- HUBERT N, DUPONCHELLE F, NUÑEZ J, GARCIA-DAVILA C, PAUGY D, RENNO JF. Phylogeography of the piranha genera *Serrasalmus* and *Pygocentrus*: implications for the diversification of the Neotropical ichthyofauna. **Molecular Ecology**, v. 16, p. 2115-2136, 2007.
- HUBERT, N. et al. Identifying Canadian freshwater fishes through DNA *barcodes*. **PLoS ONE**, v. 3, n. 6, p. e2490, 2008.
- IUCN 2010. **IUCN Red List of Threatened Species. Version 2010.4**. Disponível em: <<http://www.iucnredlist.org>>. Acesso em: 15 dez. 2010.
- IVANOVA, N. V.; DE WAARD, J. R.; HEBERT, P. D. N. An inexpensive, automation- friendly protocol for recovering high-quality DNA. **Molecular Ecology Notes**, v. 6, p. 998–1002, 2006.
- IVANOVA, N. V.; ZEMLAK, T. S.; HANNER, R. H.; HEBERT, P. D. N. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. **Molecular Ecology Notes**, v. 7, p. 544–548, 2007.

JAVONILLO, R.; et al. Relationships among major lineages of characid fishes (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes), based on molecular sequence data. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 54, p. 498–511, 2010.

JENSEN, A. C. Life history of the spiny dogfish. **Fishery Bulletin**, v. 65, p. 527–554, 1966.

JÚLIO-JR, H. F.; TÓS, C. D.; AGOSTINHO, A. A.; PAVANELLI, C. S. A massive invasion of fish species after eliminating a natural barrier in the upper rio Paraná basin. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, n. 4, p. 709-718, 2009.

JUNK, W. J. Freshwater fishes of South America: Their biodiversity, fisheries, and habitats – a synthesis. **Aquatic Ecosystem Health & Management**, v. 10, n. 2, p. 228-242, 2007.

KANTEK, D. L. Z.; NOLETO, R. B.; MAURUTTO, F. A. M.; BERTOLLO, L. A. C.; MOREIRA-FILHO, O., CESTARI, M. M. Cytotaxonomy of *Astyanax* (Characiformes: Characidae) from the upper Iguazu river basin: confirmation of the occurrence of distinct evolutionary units. **Journal of Fish Biology**, v. 73, p.2012-2020, 2008.

KAVALCO, K.F.; BRANDÃO, K.O.; PAZZA, R.; ALMEIDA-TOLEDO, L.F. *Astyanax hastatus* Myers, 1928 (Teleostei, Characidae): a new species complex within the genus *Astyanax*? **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n. 3, p. 477-483, 2009.

KERR, K. C. R.; STOECKLE, M. Y.; DOVE, C. J.; WEIGT, L. A.; FRANCIS, C. M.; HEBERT, P. D. N. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. **Molecular Ecology Notes**, v. 7, p. 535–543, 2007.

KIMURA M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of Molecular Evolution**, v. 16, p. 111-120, 1980.

KÖHLER, F. From DNA taxonomy to barcoding — how a vague idea evolved into a biosystematic tool. *Mitteilungen Aus Dem Museum für Naturkunde in Berlin*, **Zoologische Reihe**, v. 83, p. 44–51, 2007.

KON, T.; YOSHINO, T.; MUKAI, T.; NISHIDA, M. DNA sequences identify numerous cryptic species of the vertebrate: A lesson from the gobioid fish *Schindleria*. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 44, p. 53-62, 2007.

KRESS, J. W.; WURDACK, K. J.; ZIMMER, E. A.; WEIGT, L. A.; JANZEN, D. H. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. **Proc. Natl Acad. Sci. USA**, v. 102, p. 8369–8374, 2005.

KRESS, W.J.; ERICKSON, D.L. A two-locus globalDNAbarcode for land plants: the coding rbcL gene complements the non-coding trnHpsbA spacer region. **Plos One**, v. 2, n, 6, p. e508, 2007.

KRIEGER, J.; FUERST, P. A. Evidence for a slowed rate of molecular evolution in the order Acipenseriformes. **Molecular Biology and Evolution**, v. 19, p. 891–897, 2002.

KUMAR, S.; GADADKAR, S. Efficiency of the neighbour-joining method in reconstructing deep and shallow evolutionary relationships in large phylogenies. **J. Mol. Evol.**, v. 51, p. 544–553, 2000.

KURTZMAN, C. P. Molecular taxonomy of the yeasts. **Yeast**, v. 10, p. 1727–1740, 1994.

LANGEANI, F.; et al. Diversidade da ictiofauna do Alto Rio Paraná: composição atual e perspectivas futuras. **Biota Neotropica**, v. 7, n. 3, p. 181-197, 2007.

LARA, A. et al. DNABarcoding of Cuban freshwater fishes: evidence for cryptic species and taxonomic conflicts. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, p. 421-430, 2010.

LAST, P. R.; GLEDHILL, D. C.; HOLMES, B. H. A new handfish, *Brachionichthys australis* sp. nov, (Lophiiformes: Brachionichthyidae), with a redescription of the critically endangered spotted handfish, *B. hirsutus* (Lacépède). **Zootaxa**, v. 1666, p. 53–68, 2007.

LEMER, S. et al. Cytochrome *b* barcoding, molecular systematics and geographic differentiation in rabbitfishes (siganidae). **C.R. Biologies**, v.330, p.86-94, 2007.

LEWINSOHN, T. M. **Avaliação do estado de conhecimento da biodiversidade brasileira – volumes I e II**. Brasília: MMA, 2005, 520p. (Série Biodiversidade 15).

LIMA, F. C. T.; MALABARBA, L. R.; BUCKUP, P. A.; SILVA, J. F. P.; VARI, R. P.; HAROLD, A.; BENINE, R.; OYAKAWA, O. T.; PAVANELLI, C. S.; MENEZES, N. A.; LUCENA, C. A.; MALABARBA, M. C. S. L.; LUCENA, Z. M. S.; REIS, R. E.; LANGEANI, F.; CASATTI, L.; BERTACO, V. A.; MOREIRA, C.; LUCINDA, P. H. F. Genera Incertae Sedis in Characidae. In: REIS, R. E., Kullander, S. O.; Ferraris, C. (Eds.). **Check list of the freshwater fishes of South and Central America**. Porto Alegre: Edipucrs, 2003. p. 106-169.

LIPSCOMB, D.; PLATNICK, N.; WHEELER, Q. The intellectual content of taxonomy: a comment on DNA taxonomy. **Trends Ecol. Evol.**, v. 18, p. 65–66, 2003.

LOWE-MCCONNELL, R. H. Estudos ecológicos de comunidades de peixes tropicais. São Paulo, Brasil: EDUSP, 1999.

MANWELL, C.; BAKER, C.M.A. A sibling species of seacucumber discovered by starch-gel electrophoresis. **Comp. Biochem. Physiol.**, v. 10, p. 39–53, 1963.

MARQUES, A.C.; LAMAS, C.J.E. Taxonomia zoológica no Brasil: estado da arte, expectativas e sugestões de ações futuras. **Papéis Avulsos de Zoologia**, v.46, n.13, p.139-174, 2006.

MATZ, M. V.; NIELSEN, R. A likelihood ratio test for species membership based on DNA sequence data. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 360, p. 1969–1974, 2005.

MAY, R. R.; HARVEY, P. H. Species uncertainties. **Science**, p. 323:687, 2009,

MEDRADO, A. S.; FIGUEIREDO, A. V. A.; WALDSCHMIDT, A. M.; AFFONSO, P. R. A. M.; CARNEIRO, P. L. S. Cytogenetic and morphological diversity in populations of *Astyanax fasciatus* (Teleostei, Characidae) from Brazilian northeastern river basins. **Genet Mol Biol**, v. 31, p. 208-214, 2008.

MEIER, R.; SHIYANG, K.; VAIDYA, G.; NG, P. K. C. DNA barcoding and taxonomy in Diptera: a tale of high intraspecific variability and low identification success. **Systematic Biology**, v. 55, p. 715–728, 2006.

- MENDONÇA, F.F. et al. Identification of the shark species *Rizoprionodon lalandii* and *R. porosus* (Elasmobranchii: Carcharinidae) by multiplex PCR and PCR-RFLP techniques. **Molecular Ecology Resources**, no prelo, 2009.
- MESSING, J. New M13 vectors for cloning. **Methods in Enzymology**, v. 101, p. 20–78, 1983.
- MEYER, C.P., PAULAY, G. DNA Barcoding: error rates based on comprehensive sampling. **PLoS Biol.**, v. 3, n. 12, p. 1-10, 2005).
- MILLER, S. E. DNA barcoding and the renaissance of taxonomy. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 104, n. 12, p. 4775–4776, 2007.
- MIRANDE, J.M. Weighted parsimony phylogeny of the family Characidae (Teleostei: Characiformes). **Cladistics**, v. 25, p. 1–40, 2009.
- MONTOYA-BURGOS, J. I. Historical biogeography of the catfish genus *Hypostomus* (Siluriformes: Loricariidae), with implications on the diversification of Neotropical ichthyofauna. **Molecular Ecology**, v. 12, p. 1855-1867, 2003.
- MONTOYA-BURGOS, J.-I., MULLER, S., WEBER, C., PAWLOWSKI, J. Phylogenetic relationships of the Loricariidae (Siluriformes) based on mitochondrial rRNA gene sequences. In: MALABARBA, L.R., REIS, R.E., VARI, R.P., LUCENA, C.A.S., LUCENA, Z.M.S. (Eds.). **Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes**. Porto Alegre, Brazil: Museu de Ciências e Tecnologia, PUCRS, 1998. pp. 363–374.
- MOREIRA-FILHO, O.; BERTOLLO, L. A. *Astyanax scabripinnis* (Pisces: Characidae), a species complex. **Revista Brasileira de Genética**, v.14, p. 331–357, 1991.
- MORELLI, S.; VICARI, M. R.; BERTOLLO, L. A. C. Evolutionary cytogenetics of the *Hoplias lacerdae*, Miranda Ribeiro, 1908 group. A particular pathway concerning the others Erythrinidae fish. **Brazilian Journal of Biology**, v. 67, p. 897-903, 2007.
- MOYSÉS, C. B.; ALMEIDA-TOLEDO, L. F. Restriction fragment length polymorphisms of mitochondrial DNA among five freshwater fish species of the genus *Astyanax* (Pisces, Characidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.25, n.4, p.402-407, 2002.
- NEI, M.; KUMAR, S. **Molecular evolution and phylogenetics**. New York, USA: Oxford University Press, 2000.
- NELSON, L. A.; WALLMAN, J. F.; DOWTON, M. Using COI barcodes to identify forensically and medically important blowflies. **Medical and Veterinary Entomology**, v. 21, p. 44–52, 2007.
- NGUYEN, H. D. T.; SEIFERT, K. A. Description and DNA barcoding of three new species of *Leohumicola* from South Africa and the United States. **Personia**, v.21, p. 57-98, 2008.
- NIELSEN, R.; MATZ, M. Statistical approaches for DNA barcoding. **Syst. Biol.**, n. 55, p. 162–169, 2006.
- NIXON, K. C. **Winclada (BETA) ver. 0.9.9**. PUBLISHED BY THE AUTHOR, ITHACA, NY, 1999.

ORNELAS-GARCIA, C. P.; DOMINGUEZ-DOMINGUEZ, O.; DOADRIO, I. Evolutionary history of the fish genus *Astyanax* Baird & Girard (1854) (Actynopterigii, Characidae) in Mesoamerica reveals multiple morphological homoplasies. **BMC Evolutionary Biology**, v. 8, p. 340, 2008.

OYAKAWA, O. T.; AKAMA, A.; ZANATA, A. M. Review of the genus *Hypostomus* Lacépède, 1803 from rio Ribeira de Iguape basin, with description of a new species (Pisces, Siluriformes, Loricariidae). **Zootaxa**, v. 921, p. 1-27, 2005.

OYAKAWA, O. T.; MATTOX, G. M. T. Revision of the Neotropical trahiras of the *Hoplias lacerdae* species-group (Ostariophysi: Characiformes: Erythrinidae) with descriptions of two new species. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, p. 117-140, 2009.

PACHECO, R. B.; GIULIANO-CAETANO, L.; DIAS, A. L. Cytotypes and Multiple NORs in an *Astyanax altiparanae* population (Pisces, Tetragonopterinae). **Chromosome Sci.**, v. 5, p. 109-114, 2001.

PADIAL, J. M.; MIRALLES, A.; DE LA RIVA, I.; VENCES, M. The integrative future of taxonomy. **Frontiers in Zoology**, v. 7, p. 16, 2010.

PAINTNER-MARQUES, T. R.; GIULIANO-CAETANO, L.; DIAS, A.L. Karyotypic diversity in a Bryconamericus aff. exodon population (Characidae, Tetragonopterinae). **Cytologia**, v. 67, p. 397-402, 2002.

Paiva, M.P. **Grandes represas do Brasil**. Brasília: Editerra, 1982.

PASSMORE, A.J.; JARMAN, S.N.; SWADLING, K.M.; KAWAGUCHI, S.; MCMINN, A.; NICOL, S. DNA as a Dietary Biomarker in Antarctic Krill, *Euphausia superba*. **Mar. Biotechnol.**, v. 8, p. 686–696, 2006.

PAZZA, R.; KAVALCO, S. A. F.; PENTEADO, P. R. et al The species complex *Astyanax fasciatus* Cuvier, 1819 (Teleostei, Characiformes): a multidisciplinary approach. **J Fish Biol**, v. 72, p. 2002–2010, 2008.

PERDICES, A.; BERMINGHAM, E.; MONTILLA, A.; DOADRIO, I. Evolutionary history of the genus *Rhamdia* (Teleostei: Pimelodidae) in Central America. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 25, p. 172-189, 2002.

PERDICES, A.; DOADRIO, I.; BERMINGHAM, E. Evolutionary history of the synbranchid eels (Teleostei: Synbranchidae) in Central America and the Caribbean islands inferred from their molecular phylogeny. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 37, p. 460-473, 2005.

PEREIRA, L.H.G.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, C. Genetic structure of the migratory catfish *Pseudoplatystoma corruscans* (Siluriformes: Pimelodidae) suggests homing behavior. **Ecology of Freshwater Fish**, v. 18, p. 215-225, 2009.

PFENNINGER, M.; NOWAK, C.; KLEY, C.; STEINKE, D.; STREIT, B. Utility of DNA taxonomy and barcoding for the inference of larval community structure in morphologically cryptic *Chironomus* (Diptera) species. **Mol. Ecol.**, v. 16, p. 1957–1968, 2007.

POOK, C. E.; MCEWING, R. Mitochondrial DNA sequences from dried snake venom: a DNA barcoding approach to the identification of venom samples. **Toxicon.**, v.46, p. 711-715, 2005.

- PORTO, F. E.; MARTINS-SANTOS, I. C. Diversidade cariotípica em populações de *Astyanax altiparanae* (Pisces, Characidae) das bacias do rio Paraná e Iguaçu. In: Simpósio de Citogenética e Genética de Peixes, IX, 2002, Maringá, *Resumos...* Maringá: Universidade Estadual de Maringá – CCB/DBC/Nupélia, 2002. p. 3.
- PYLE, R. L.; EARLE, J. L.; GREENE, B. D. Five new species of the damselfish genus *Chromis* (Perciformes: Labroidei: Pomacentridae) from deep coral reefs in the tropical western Pacific. **Zootaxa**, v. 1671, p. 3–31, 2008.
- RASTOGI, G.; DHARNE, M.S.; WALUJKAR, S.; KUMAR, A.; PATOLE, M.S.; SHOUCHE, Y.S. Species identification and authentication of tissues of animal origin using mitochondrial and nuclear markers. **Meat Sci.**, v. 76, p. 666–674, 2007.
- RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. BOLD: the barcode of life data system (www.barcodinglife.org). **Molecular Ecology Notes**, v. 7, p. 355–364, 2007.
- REIS, R.E.; KULLANDER, S.O.; FERRARIS, C. **Check List of the Freshwater Fishes of South and Central America (CLOFFSCA)**. Porto Alegre: Edipucrs, 2003.
- REMIGIO, E. A.; HEBERT, P. D. N. Testing the utility of partial COI sequences for phylogenetic estimates of gastropod relationships. **Mol. Phylogenet. Evol.**, v. 29, p. 641–647, 2003.
- RIBEIRO, A.C. Tectonic history and the biogeography of the freshwater fishes from the coastal drainages of eastern Brazil: an example of faunal evolution associated with a divergent continental margin. **Neotrop. Ichthyol.**, v.4, n. 3, p. 225-246, 2006.
- RIBEIRO, A.C.; LIMA, F.C.T.; RICCOMINI, C.; MENEZES, N.A. Fishes of the Atlantic rainforest of Boracéia: tetimonies of the Quaternary fault reactivation within a Neoproterozoic tectonic province in Southeastern Brazil. **Ichthyol. Explor. Freshwaters**, v. 17, n. 2, p. 157-164, 2006.
- RIBEIRO, L. B.; MATOSO, D. A.; ALMEIDA, M. C.; VICARI, M. R.; MORAES NETO, A.; SVIDNICKI, M. C.; ARTONI, R. F. Karyotypic variability in *Iheringichthys labrosus* (Teleostei, Pimelodidae) from the Tibagi River basin (Paraná State, Brazil). **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 3, p. 718-724, 2008.
- ROSENBERG, N. A. Statistical tests for taxonomic distinctiveness from observations of monophyly. **Evolution**, v. 61, p. 317–323, 2007.
- RUBINOFF, D. Utility of mitochondrial DNA barcodes in species conservation. **Conservation Biology**, v. 20, p. 1026–1033, 2006.
- RUBINOFF, D.; HOLLAND, B.S. Between two extremes: mitochondrial DNA is neither the panacea nor the nemesis of phylogenetic and taxonomic inference. **Syst. Biol.**, v. 54, p. 92–961, 2005.
- RUBINOFF, D.; CAMERON, S.; WILL, K. Are plant DNA barcodes a search for the holy grail? **Trends in Ecology and Evolution**, v. 21, n. 1, p. 1-2, 2006.
- SAITOU, N.; NEI, M. The Neighbor-Joining method—a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Mol Biol Evol.**, v. 4, p. 406–425, 1987.

SARKAR, I. N.; PLANET, P. J.; DESALLE, R. CAOS software for use in character-based DNA barcoding. **Molecular Ecology Resources**, v. 8, p. 1256-1259, 2008.

SARKAR, I. N.; THORNTON, J. W.; PLANET, P. J.; FIGURSKI, D. H.; SCHIERWATER, B.; DESALLE, R. An automated phylogenetic key for classifying homeoboxes. **Mol. Phylo- genet. Evol.**, v. 24, p. 388–399, 2002.

SAVAGE, J.M. Systematics and the biodiversity crisis. **BioScience**, v. 45, p. 673-679, 1995.

SCHAEFER, S.A. Conflict and resolution impact of new taxa on phylogenetic studies of the Neotropical cascudinhos (Siluroidei: Loricariidae). In: MALABARBA, L.R., REIS, R.E., VARI, R.P., LUCENA, Z.M.S., LUCENA, C.A.S. (Eds.). **Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes**. Porto Alegre: Edipucrs, 1998. p. 375-400.

SERRA, J.P.; CARVALHO, F.R.; LANGEANI, F. Ictiofauna do rio Itatinga in Parque das Neblinas, Bertioga, Estado de São Paulo: composition and biogeography. **Biota Neotropica**, v. 7, n. 1, p. 131–136, 2007. Disponível em: <http://www.biotaneotropica.org.br/v7n1/pt/download?article+bn01707012007+item>. Acesso em: 12/12/2010

SEVILLA, R.G.; DIEZ, A.; NOREN, M.; MOUCHEL, O.; JEROME, M.; VERREZ-BAGNIS, V.; VAN PELT, H.; FAVRE-KREY, L.; KREY, G.; BAUTISTA, J.M.. Primers and polymerase chain reaction conditions for DNA barcoding teleost fish based on the mitochondrial cytochrome b and nuclear rhodopsin genes. **Mol. Ecol. Notes**, v. 7, p. 730–734, 2007.

SHAFFER, H.B.; THONSOM, R.C. Delimiting species in recent radiations. **Systematic Biology**, v.56, n.6, p.896-906, 2007.

SHIBATTA, O. A.; DIAS, J. H. P. **40 peixes do Brasil: CESP 40 anos**. Rio de Janeiro: Ed. Doiis, 2006.

SMITH, M. A.; POYARKOV, N. A.; HEBERT, P. D. N. CO1 DNA barcoding amphibians: take the chance, meet the challenge. **Molecular Ecology Notes**, v. 7, p. 235–246, 2007.

SMITH, M. A.; WOODLEY, N. E.; JANZEN, D. H.; HALLWACHS, W.; HEBERT, P. D. N. DNA barcode reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). **Proceedings of the National Academy of Sciences, USA**, v. 103, p. 3657–3662, 2006.

SMITH, M. A, WOODLEY, N. E.; JANZEN, D. H.; HALLWACHS, W.; HEBERT, P. D. N. DNA barcodes reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). **PNAS**, v. 103, n. 10, p. 3657-3662, 2005.

STOECKLE, M.; WAGGONER, P.E.; AUSUBEL, J.H. **Barcoding life, illustrated**. Goals, rationale, results. 2005. Disponível em: <www.barcoding.si.edu>. Acesso em 04 dez.10.

TAMURA K. et al. **MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. Molecular Biology and Evolution**, v. 24, p. 1596-1599, 2007.

TAVARES, E.S.; BAKER, A.J.. Single mitochondrial gene barcodes reliably identify sister-species in diverse clades of birds. **BMC Evol. Biol.**, v. 8, p. 81, 2008.

- TEMPLETON, A. R.; CRANDALL, K. A.; SING, C. F. A cladistic-analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA-sequence data. 3. Cladogram estimation. **Genetics**, v. 132, p. 619-633, 1992.
- Torres, R. A.; Roper, J. J.; Foresti, F.; Oliveria, C. Surprising genomic diversity in the Neotropical fish *Synbranchus marmoratus* (Teleostei: Synbranchidae): how many species? **Neotropical Ichthyology**, v. 3, n. 2, p. 277-284, 2005.
- THOMPSON, J.D.; GIBSON, T.J.; PLEWNIAK, F.; JEANMOUGIN, F.; HIGGINS, D.G. The ClustalX windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. **Nucleic Acids Res.**, v. 24, p. 4876-4882, 1997.
- VALDEZ-MORENO, M. et al. Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. **Journal of Fish Biology**, v. 74, p. 377-402, 2009.
- VALENTINI, A.; POMPANON, F.; TABERLET, P. DNA barcoding for ecologists. **Tree**, v. 24, p. 110–117, 2009.
- VARI, R. P.; HAROLD, A. S. Phylogenetic Study of Neotropical Fish Genera *Creagrutus* Günther and *Piabina* Reinhardt (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes), with a Revision of Cis-Andean Species. **Smithsonian Contributions to Zoology**, n. 613, 2001.
- VARI, R.P.; MALABARBA, L.R. Neotropical Ichthyology: an overview. In: MALABARBA, L. R.; REIS, R. E.; VARI, R. P.; LUCENA, Z. M. S.; LUCENA, C. A. S. (Eds.). **Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes**. Porto Alegre: Edipucrs, 1998. p. 1-11.
- VENCES, M.; THOMAS, M.; BONETT, R. M.; VIEITES, D. R. Deciphering amphibian diversity through DNA barcoding: chances and challenges. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 360, 2005
- VICARI, M.R.; NOLETO, R.B.; ARTONI, R.F.; MOREIRA-FILHO, O; BERTOLL, L.A.C. Comparative cytogenetics among species of the *Astyanax scabripinnis* complex. Evolutionary and biogeographical inferences. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, p. 173-179, 2008.
- VICTOR, B. C. *Coryphopterus kuna*, a new goby (Perciformes: Gobiidae: Gobiinae) from the western Caribbean, with the identification of the late larval stage and an estimate of the pelagic larval duration. **Zootaxa**, v. 1526, p. 51–61, 2007.
- WAKE, D.B.; VENDREBURG, V.T. Are we in the midst of the sixth mass extinction? A view from the world of amphibians. **PNAS**, v.105, p.11466-11473, 2008.
- WARD, R. D.; HOLMES, B. H.; YEARSLEY, G. K. DNA barcoding reveals a likely second species of Asin sea bass (barramundi) (*Lates calcarifer*). **Journal of Fish Biology**, v. 72, p. 458-463, 2008.
- WARD, R. D. DNA barcoding discriminates spurdogs of the genus *Squalus*. In: LAST, P. R.; WHITE, W. T.; POGONOSKI, J. J. (Ed.). **Descriptions of new dogfishes of the genus *Squalus* (Squaloidea: Squalidae)**. Hobart: CSIRO Marine and Atmospheric Research, 2007.
- WARD, R. D. DNA *barcode* divergence among species and genera of birds and fishes. **Molecular Ecology Resources**, v. 9, p. 1077-1085, 2009.
- WARD, R. D. et al. DNA barcoding Australia's fish species. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 360, p. 1847-1857, 2005.

- WAUGH, J. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. **BioEssays**, v. 29, p. 188-197, 2007.
- WEBER, C.; MONTOYA-BURGOS, J. I. *Hypostomus fonchii* sp. n. (Siluriformes: Loricariidae) from Peru, a key species suggesting the synonymy of *Cochliodon* with *Hypostomus*. **Revue Suisse de Zoologie**, v. 109, p. 355–368, 2002.
- WEBER, C. Subfamily Hypostominae (Armored catfishes). In: REIS, R. E.; KULLANDER, S. O.; FERRARIS, C. J. (Eds.). **Check List of the Freshwater Fishes of South and Central America**. Porto Alegre: Edipucrs, 2003. p 351-372.
- WEITZMAN, S. H.; MALABARBA, L. R. Systematics of *Spintherobolus* (Teleostei: Characidae: Cheirodontinae) from Eastern Brazil. **Ichthyol. Explor. Freshwaters**, v. 10, n. 1, p. 1-43, 1999.
- WEITZMAN, S.H.; AND MALABARBA, L.R. Perspectives about the phylogeny and classification of the Characidae (Teleostei: Characiformes). In: MALABARBA, L.R.; REIS, R.E.; VARI, R.P.; LUCENA, Z.M.S.; LUCENA, C.A.S. (Eds.). **Phylogeny and classification of Neotropical fishes**. Porto Alegre: EDIPUCRS, 1998. pp. 161–170.
- WIEMERS, M.; FIEDLER, K. Does the DNA barcoding gap exist? - a case study in blue butterflies (Lepidoptera: Lycaenidae). **Frontiers in Zoology**, v. 4, 2007.
- WILL, K.W.; RUBINOFF, D. Taxonomy as a fundamental discipline. **Cladistics**, v. 20, p. 47–55, 2004.
- WILLIAMS, S. T.; KNOWLTON, N. Mitochondrial Pseudogenes Are Pervasive and Often Insidious in the Snapping Shrimp Genus *Alpheus*. **Molecular Biology & Evolution**, v. 18, p. 1484–1493, 2001.
- WILSON, E. O. **The diversity of the life**. Harvard Univ Press, Cambridge, MA, 1993.
- WILSON, K. H. Molecular biology as a tool for taxonomy. **Clin. Infect. Dis.**, v. 20(Suppl.), p. 192–208, 1995.
- WITT, J. D. S. ; THRELOFF, D. L. ; HEBERT, P. D. N. DNA barcoding reveals extraordinary cryptic diversity in an amphipode genus: implications for desert spring conservation. **Molecular Ecology**, v. 15, p. 3073-3082, 2006.
- WOESE, C. R., FOX, G. E. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. **Proc. Natl Acad. Sci. USA**, v. 97, p. 8392–8396, 1977.
- WONG, E. H. K.; SHIVJI, M. S.; HANNER, R. H. Identifying sharks with DNA barcodes: assessing the utility of a nucleotide diagnostic approach. **Molecular Ecology Resources**, v. 9, p. 243-256, 2009.
- WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of populations 4: variability within and among natural populations**. Chicago: University of Chicago Press, 1978.
- XIA, X.; XIE, Z. DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution. **J. Heredity**, v. 92, p. 371-373, 2001.
- YANCY, H. F.; ZEMLAK, T. S.; MASON, J. A.; WASHINGTON, J. D.; TENGE, B. J.; NGUYEN, N. L.; BARNETT, J. D.; SAVARY, W. E.; HILL, W. E.; MOORE, M. M.; FRY, F. S.; RANDOLPH, S. C.;

ROGERS, P. L.; HEBERT, P. D. N. Potential use of DNA barcodes in regulatory science: applications of the Regulatory Fish Encyclopedia. **J. Food Prot.**, v. 71, p. 210–217, 2008.

YASSIN, A.; CAPY, P.; MADI-RAVAZZI, L.; OGEREAU, D.; DAVID, J. R. DNA barcode discovers two cryptic species and two geographical radiations in the invasive drosophilid *Zaprionus indianus*. **Molecular Ecology Resources**, v. 8, p. 491-501, 2008.

YEARSLEY, G. K.; LAST, P. R. *Urolophus kapalensis* sp nov., a new stingaree (Myliobatiformes: Urolophidae) off eastern Australia. **Zootaxa**, v. 1176, p. 41–52, 2006.

ZANATA, A.M.; CAMELIER, P. *Astyanax vermilion* and *Astyanax burgerai*: new characids fishes (Ostariophisi: Characiformes) from Northeastern Bahia, Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 7, n. 2, p.175-184, 2009.

ZAWADSKI, C. H.; WEBER, C.; PAVANELLI, C. S. Two new species of *Hypostomus* Lacépède (Teleostei: Loricariidae) from de upper rio Paraná basin, Central Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 6, n. 3, p. 403-412, 2008b.

ZAWADZKI, C. H.; BIRINDELLI, J. L. O; LIMA, F. C. T. A new pale-spotted species of *Hypostomus* Lacépède (Siluriformes: Loricariidae) from the rio Tocantins and rio Xingu basins in central Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v. 6, n. 3, p. 395-402, 2008a.

ZEMPLAK, T.S.; WARD, R.D.; CONNELL, A.D.; HOLMES, B.H.; HEBERT, P.D.N. DNA barcoding reveals overlooked marine fishes. **Molecular Ecology Resources**, v. 9, p. 237-242, 2009.

Anexos

ANEXO 1

Lista das espécies de peixes encontradas na bacia do Alto rio Paraná baseados nos trabalhos de Langeani et al. (2007); Graça e Pavanelli (2007); Jerep, Shibatta e Zawadzki (2007); Ferreira e Ribeiro (2007); Graça e Pavanelli (2008); Langeani et al. (2008); Weber e Pavanelli (2008); Zawadzki, Weber e Pavanelli (2008); Zawadzki, Pavanelli e Langeani (2008); Lucinda (2008); Júlio-Jr et al. (2009); Benine, Mariguela e Oliveira (2009); Oyakawa (2009);. Em negrito, espécies analisadas no presente estudo; *, espécies ausentes nas listas mencionadas.

MYLIOBATIFORMES

Potamotrygonidae

- | | |
|---|---|
| 1 | <i>Potamotrygon falkneri</i> Castex & Maciel, 1963 |
| 2 | <i>Potamotrygon motoro</i> (Müller & Henle, 1841) |

CYPRINIFORMES

Cyprinidae

- | | |
|---|--|
| 3 | <i>Aristichthys nobilis</i> (Richardson, 1845) |
| 4 | <i>Ctenopharyngodon idella</i> (Valenciennes, 1844) |
| 5 | <i>Cyprinus carpio</i> Linnaeus, 1758 |
| 6 | <i>Hypophthalmichthys molitrix</i> * |
| 7 | <i>Hypophthalmichthys nobilis</i> * |
| 8 | <i>Platanichthys platana</i> (Regan, 1917) |

CHARACIFORMES

Acestrorhynchidae

- | | |
|----|--|
| 9 | <i>Acestrorhynchus lacustris</i> (Lütken, 1875) |
| 10 | <i>Acestrorhynchus pantaneiro</i> Menezes, 1992 |

Anostomidae

- | | |
|----|---|
| 11 | <i>Leporellus vittatus</i> (Valenciennes, 1850) |
| 12 | <i>Leporinus aguapeiensis</i> Campos, 1945 |
| 13 | <i>Leporinus amblyrhynchus</i> Garavello & Britski, 1987 |
| 14 | <i>Leporinus elongatus</i> Valenciennes, 1850 |
| 15 | <i>Leporinus friderici</i> (Bloch, 1794) |
| 16 | <i>Leporinus lacustris</i> Campos, 1945 |
| 17 | <i>Leporinus macrocephalus</i> Garavello & Britski, 1988 |
| 18 | <i>Leporinus microphthalmus</i> Garavello, 1989 |
| 19 | <i>Leporinus obtusidens</i> (Valenciennes, 1836) |
| 20 | <i>Leporinus octofasciatus</i> Steindachner, 1915 |
| 21 | <i>Leporinus paranensis</i> Garavello & Britski, 1987 |
| 22 | <i>Leporinus striatus</i> Kner, 1859 |
| 23 | <i>Leporinus tigrinus</i> Borodin, 1929 |
| 24 | <i>Schizodon altoparanae</i> Garavello & Britski, 1990 |
| 25 | <i>Schizodon borellii</i> (Boulenger, 1900) |
| 26 | <i>Schizodon intermedius</i> Garavello & Britski, 1990 |
| 27 | <i>Schizodon nasutus</i> Kner, 1858 |

Characidae

- 28 ***Aphyocharax anisitsi* Eigenmann & Kennedy, 1903**
- 29 ***Aphyocharax dentatus* Eigenmann & Kennedy, 1903**
- 30 ***Aphyocheiroduon hemigrammus* Eigenmann, 1915**
- 31 ***Astyanax altiparanae* Garutti & Britski, 2000**
- 32 ***Astyanax biotae* Castro & Vari, 2004**
- 33 ***Astyanax bockmanni* Vari & Castro, 2007**
- 34 *Astyanax eigenmanniorum* (Cope, 1894)
- 35 ***Astyanax fasciatus* (Cuvier, 1819)**
- 36 ***Astyanax paranae* Eigenmann, 1914**
- 37 *Astyanax paranahybae* Eigenmann, 1911
- 38 ***Astyanax schubarti* Britski, 1964**
- 39 ***Astyanax trierythropterus* Godoy, 1970**
- 40 ***Brycon hilarii* (Valenciennes, 1903)**
- 41 ***Brycon nattereri* Günther, 1864**
- 42 ***Brycon orbignyianus* (Valenciennes in Cuvier & Valenciennes, 1850)**
- 43 *Bryconamericus turiuba* Langeani, Lucena, Pedrini & Tarelho-Pereira,
2005
- 44 ***Bryconamericus exodon* Eigenmann, 1907**
- 45 *Bryconamericus iheringii* (Boulenger, 1887)
- 46 ***Bryconamericus stramineus* Eigenmann, 1908**
- 47 ***Cheiroduon stenodon* Eigenmann, 1915**
- 48 *Colossoma macropomum* (Cuvier, 1818)
- 49 *Coptobrycon bilineatus* (Ellis, 1911)
- 50 *Creagrutus varii* Ribeiro, Benine & Figueiredo, 2004
- 51 *Cynopotamus kincaidi* (Schultz, 1950)
- 52 ***Galeocharax knerii* (Steindachner, 1879)**
- 53 ***Glandulocauda melanogenys* Eigenmann, 1911**
- 54 ***Gymnocorymbus ternetzi* (Boulenger, 1895)**
- 55 ***Hasemania crenuchoides* Zarske & Géry, 1999**
- 56 *Hasemania hanseni* (Fowler, 1949)
- 57 ***Hemigrammus marginatus* Ellis, 1911**
- 58 ***Hollandichthys multifasciatus* (Eigenmann & Norris, 1900)**
- 59 *Hyphessobrycon anisitsi* (Eigenmann, 1907)
- 60 ***Hyphessobrycon balbus* Myers, 1927**
- 61 ***Hyphessobrycon bifasciatus* Ellis, 1911**
- 62 *Hyphessobrycon coelestinus* Myers, 1929
- 63 *Hyphessobrycon duragenys* Ellis, 1911
- 64 ***Hyphessobrycon eques* (Steindachner, 1882)**
- 65 ***Hyphessobrycon flammeus* Myers, 1924**
- 66 *Hyphessobrycon melanopleurus* Ellis, 1911
- 67 *Hyphessobrycon reticulatus* Ellis, 1911
- 68 ***Knodus moenkhausii* (Eigenmann & Kennedy, 1903)**
- 69 ***Kolpotocheiroduon theloura* Malabarba & Weitzman, 2000**
- 70 ***Lophiobrycon weitzmani* Castro, Ribeiro, Benine & Melo, 2003**
- 71 *Metynnis lippincottianus* (Cope, 1870)
- 72 ***Metynnis maculatus* (Kner, 1858)**
- 73 *Metynnis mola* Eigenmann & Kennedy, 1903

74	<i>Mimagoniates microlepis</i> (Steindachner, 1876)
75	<i>Moenkhausia forestii</i> Benine, Mariguela & Oliveira, 2009
76	<i>Moenkhausia intermedia</i> Eigenmann, 1908
77	<i>Moenkhausia sanctaeflorenae</i> (Steindachner, 1907)
78	<i>Myleus tiete</i> (Eigenmann & Norris, 1900)
79	<i>Mylossoma duriventre</i> (Cuvier, 1818)
80	<i>Odontostilbe microcephala</i> Eigenmann, 1907
81	<i>Oligosarcus paranensis</i> Menezes & Géry, 1983
82	<i>Oligosarcus pintoii</i> Campos, 1945
83	<i>Oligosarcus planaltinae</i> Menezes & Géry, 1983
84	<i>Piabina anhembi</i> Silva & Kaefer, 2003
85	<i>Piabina argentea</i> Reinhardt, 1867
86	<i>Piaractus mesopotamicus</i> (Holmberg, 1887)
87	<i>Planaltina britskii</i> Menezes; Weitzman & Burns, 2003
88	<i>Planaltina glandipedis</i> Menezes; Weitzman & Burns, 2003
89	<i>Planaltina myersi</i> Böhlke, 1954
90	<i>Psellogrammus kennedyi</i> (Eigenmann, 1903)
91	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i> Eigenmann, 1914
92	<i>Roeboides descalvadensis</i> Fowler, 1932
93	<i>Roeboides paranensis</i> Pignatelli, 1975
94	<i>Salminus brasiliensis</i> (Cuvier, 1816)
95	<i>Salminus hilarii</i> Valenciennes, 1850
96	<i>Serrapinnus heterodon</i> (Eigenmann, 1915)
97	<i>Serrapinnus kriegi</i> (Schindler, 1937) *
98	<i>Serrapinnus notomelas</i> (Eigenmann, 1915)
99	<i>Serrasalmus maculatus</i> Kner, 1858
100	<i>Serrasalmus marginatus</i> Valenciennes, 1837
101	<i>Spintherobolus papilliferus</i> Eigenmann, 1911
102	<i>Triporthus nematurus</i> (Kner, 1858)

Crenuchidae

103	<i>Characidium fasciatum</i> Reinhardt, 1866
104	<i>Characidium gomesi</i> Travassos, 1956
105	<i>Characidium heirmostigmata</i> Graça e Pavanelli, 2008
106	<i>Characidium laterale</i> (Boulenger, 1895)
107	<i>Characidium oiticicai</i> Travassos, 1967
108	<i>Characidium schubarti</i> Travassos, 1955
109	<i>Characidium xanthopterum</i> Langeani, Graça, Pavanelli & Backup, 2008
110	<i>Characidium zebra</i> Eigenmann, 1909

Curimatidae

111	<i>Cyphocharax gillii</i> (Eigenmann & Kennedy, 1903)
112	<i>Cyphocharax modestus</i> (Fernández-Yépez, 1948)
113	<i>Cyphocharax nagelii</i> (Steindachner, 1881)
114	<i>Cyphocharax vanderi</i> (Britski, 1980)
115	<i>Steindachnerina brevipinna</i> (Eigenmann & Eigenmann, 1889)
116	<i>Steindachnerina corumbae</i> Pavanelli & Britski, 1999
117	<i>Steindachnerina insculpta</i> (Fernández-Yépez, 1948)

Cynodontidae

- 118 *Rhaphiodon vulpinus* Spix & Agassiz, 1829

Erythrinidae

- 119 *Erythrinus erythrinus* (Bloch & Schneider, 1801)
 120 *Hoplerythrinus unitaeniatus* (Agassiz, 1829)
 121 *Hoplias intermedius* (Günther, 1864)
 122 *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794)
 123 *Hoplias microcephalus* (Agassiz, 1829)

Hemiodontidae

- 124 *Hemiodus orthonops* Eigenmann & Kennedy, 1903
 125 *Pyrrhulina australis* Eigenmann & Kennedy, 1903

Parodontidae

- 126 *Apareiodon affinis* (Steindachner, 1879)
 127 *Apareiodon ibitiensis* Campos, 1944
 128 *Apareiodon piracicabae* (Eigenmann, 1907)
 129 *Apareiodon vladii* Pavanelli, 2006
 130 *Parodon moreirai* Ingenito & Buckup, 2005
 131 *Parodon nasus* Kner, 1859

Prochilodontidae

- 132 *Prochilodus lineatus* (Valenciennes, 1836)
 133 *Prochilodus vimboides* Kner, 1859

GYMNOTIFORMES**Apteronotidae**

- 134 *Apteronotus albifrons* (Linnaeus, 1766)
 135 *Apteronotus brasiliensis* (Reinhardt, 1852)
 136 *Apteronotus caudimaculosus* Santana, 2003
 137 *Apteronotus ellisi* (Arámburu, 1957)
 138 *Porotergus ellisi* (Alonso de Arámburu, 1957)
 139 *Sternarchella curvioperculata* Godoy, 1968
 140 *Sternarchorhynchus britskii* Campos-da-Paz, 2000
 141 *Tembeassu marauna* Triques, 1988

Gymnotidae

- 142 *Gymnotus carapo* Linnaeus, 1758
 143 *Gymnotus inaequilabiatus* (Valenciennes, 1839)
 144 *Gymnotus pantanal* Fernandes; Albert; Daniel-Silva; Lopes;
 Crampton & Alm.-Toledo, 2005
 145 *Gymnotus pantherinus* (Steindachner, 1908)
 146 *Gymnotus paraguensis* Albert & Crampton, 2003
 147 *Gymnotus sylvius* Albert & Fernandes-Matioli, 1999

Hypopomidae

- 148 *Brachyhypopomus cf. gauderio* Giora & Malabarba, 2009
 149 ***Brachyhypopomus pinnicaudatus* (Hopkins; Comfort; Bastian & Bass, 1990)**

Rhamphichthyidae

- 150 *Gymnorhamphichthys cf. hypostomus* Ellis, 1912
 151 *Rhamphichthys hahni* (Meinken, 1937)

Sternopygidae

- 152 ***Eigenmannia trilineata* López & Castello, 1966**
 153 ***Eigenmannia virescens* (Valenciennes, 1847)**
 154 ***Sternopygus macrurus* (Bloch & Schneider, 1801)**

SILURIFORMES

Aspredinidae

- 155 *Bunocephalus larai* Ihering, 1930

Auchenipteridae

- 156 *Ageneiosus inermis* (Linnaeus, 1766)
 157 *Ageneiosus militaris* Valenciennes, 1836
 158 *Ageneiosus ucayalensis* Castelnau, 1855
 159 ***Auchenipterus osteomystax* (Miranda Ribeiro, 1918)**
 160 *Glanidium cesarpintoi* Ihering, 1928
 161 ***Tatia neivai* (Ihering, 1930)**
 162 *Trachelyopterus coriaceus* Valenciennes, 1840
 163 ***Trachelyopterus galeatus* (Linnaeus, 1766)**

Callichthyidae

- 164 ***Aspidoras fuscoguttatus* Nijssen & Isbrücker, 1976**
 165 *Aspidoras lakoi* Miranda-Ribeiro, 1949
 166 ***Callichthys callichthys* (Linnaeus, 1758)**
 167 ***Corydoras aeneus* (Gill, 1858)**
 168 ***Corydoras difuviatilis* Britto & Castro, 2002**
 169 ***Corydoras ehrhardti* Steindachner, 1910**
 170 ***Corydoras flaveolus* Ihering, 1911**
 171 ***Corydoras nattereri* Steindachner, 1877**
 172 ***Corydoras paleatus* (Jenyns, 1842)**
 173 ***Hoplosternum littorale* (Hancock, 1828)**
 174 ***Leptoplosternum pectorale* (Boulenger, 1895)**
 175 ***Megalechis thoracata* (Valenciennes, 1840)**
 176 *Scleromystax macropterus* (Regan, 1913)

Cetopsidae

- 177 ***Cetopsis gobioides* Kner, 1857**

Clariidae

- 178 ***Clarias gariepinus* (Burchell, 1822)**

Doradidae

179	<i>Oxydoras eigenmanni</i> Boulenger, 1895
180	<i>Platydoras armatulus</i> (Valenciennes, 1840)
181	<i>Pterodoras granulatus</i> (Valenciennes, 1821)
182	<i>Rhinodoras dorbignyi</i> (Kner, 1855)
183	<i>Trachydoras paraguayensis</i> (Eigenmann & Ward, 1907)

Heptapteridae

184	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i> Schubart & Gomes, 1959
185	<i>Chasmocranus brachynema</i> Gomes & Schubart, 1958
186	<i>Heptapterus multiradiatus</i> Ihering, 1907
187	<i>Heptapterus mustelinus</i> (Valenciennes, 1835)
188	<i>Imparfinis borodini</i> Mees & Cala, 1989
189	<i>Imparfinis mirini</i> Haseman, 1911
190	<i>Imparfinis piperatus</i> Eigenmann & Norris, 1900
191	<i>Imparfinis schubarti</i> (Gomes, 1956)
192	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i> (Schubart, 1964)
193	<i>Phenacorhamdia unifasciata</i> Britski, 1993
194	<i>Pimelodella avanhandavae</i> Eigenmann, 1917
195	<i>Pimelodella boschmai</i> Van der Stigchel, 1964
196	<i>Pimelodella gracilis</i> (Valenciennes, 1835)
197	<i>Pimelodella meeki</i> Eigenmann, 1910
198	<i>Pimelodella rudolphi</i> Miranda-Ribeiro, 1918
199	<i>Pimelodella taenioptera</i> Miranda-Ribeiro, 1914
200	<i>Rhamdella longipinnis</i> Borodin, 1927
201	<i>Rhamdia quelen</i> (Quoy & Gaimard, 1824)
202	<i>Rhamdiopsis microcephala</i> (Lütken, 1874)
203	<i>Taunaya bifasciata</i> (Eigenmann & Norris, 1900)

Loricariidae

204	<i>Ancistrus cirrhosus</i> (Valenciennes, 1836)
205	<i>Corumbataia britskii</i> Ferreira & Ribeiro, 2007
206	<i>Corumbataia cuestae</i> Britski, 1997
207	<i>Farlowella amazonum</i> (Günther, 1864)
208	<i>Farlowella hahni</i> Meinken, 1937
209	<i>Farlowella oxyrhyncha</i> (Kner, 1853)
210	<i>Harttia gracilis</i> Oyakawa, 1993
211	<i>Hisonotus depressicauda</i> (Miranda-Ribeiro, 1918)
212	<i>Hisonotus depressinotus</i> (Miranda-Ribeiro, 1918)
213	<i>Hisonotus francirochai</i> (Ihering, 1928)
214	<i>Hisonotus insperatus</i> Britski & Garavello, 2003
215	<i>Hisonotus nigricauda</i> (Boulenger, 1891) *
216	<i>Hisonotus paulinus</i> (Regan, 1908)
217	<i>Hypostomus albopunctatus</i> (Regan, 1908)
218	<i>Hypostomus ancistroides</i> (Ihering, 1911)
219	<i>Hypostomus brevis</i> (Nichols, 1919)
220	<i>Hypostomus cochliodon</i> Kner, 1854
221	<i>Hypostomus commersoni</i> Valenciennes, 1836
222	<i>Hypostomus denticulatus</i> Zawadzki, Weber & Pavanelli, 2008

- 223 ***Hypostomus derbyi* (Haseman, 1911) ***
 224 *Hypostomus dlouhyi* Weber, 1985
 225 *Hypostomus fuviatilis* (Schubart, 1964)
 226 ***Hypostomus heraldoi* Zawadzki, Weber & Pavanelli, 2008**
 227 ***Hypostomus hermanni* (Ihering, 1905)**
 228 ***Hypostomus iheringi* (Regan, 1908)**
 229 *Hypostomus lexi* (Ihering, 1911)
 230 ***Hypostomus margaritifer* (Regan, 1908)**
 231 *Hypostomus meleagris* (Marini; Nichols & La Monte, 1933)
 232 ***Hypostomus microstomus* Weber, 1987**
 233 *Hypostomus multidentis* Jerep, Shibatta & Zawadzki, 2007
 234 ***Hypostomus myersi* (Gosline, 1947) ***
 235 ***Hypostomus nigromaculatus* (Schubart, 1967)**
 236 ***Hypostomus paulinus* (Ihering, 1905)**
 237 ***Hypostomus regani* (Ihering, 1905)**
 238 *Hypostomus scaphyiceps* (Nichols, 1919)
 239 ***Hypostomus strigaticeps* (Regan, 1908)**
 240 ***Hypostomus ternetzi* (Boulenger, 1895)**
 241 ***Hypostomus tietensis* (Ihering, 1905)**
 242 ***Hypostomus topavae* (Godoy, 1969)**
 243 *Hypostomus variipictus* (Ihering, 1911)
 244 *Isbrueckerichthys calvus* Jerep; Shibatta; Pereira & Oyakawa, 2006
 245 ***Isbrueckerichthys saxicola* Jerep; Shibatta; Pereira & Oyakawa,**
 2006
 246 ***Loricaria lentiginosa* Isbrücker, 1979**
 247 *Loricaria piracicabae* Ihering, 1907
 248 *Loricaria simillima* Regan, 1904
 249 ***Loricariichthys platymetopon* Isbrücker & Nijssen, 1979**
 250 *Loricariichthys rostratus* Reis & Pereira, 2000
 251 ***Megalancistrus parananus* (Peters, 1881)**
 252 *Microlepidogaster perforatus* Eigenmann & Eigenmann, 1889
 253 *Microlepidogaster longicolla* Calegari & Reis, 2010
 254 ***Neoplecostomus corumba* Zawadzki, Pavanelli & Langeani, 2008**
 255 ***Neoplecostomus paranensis* Langeani, 1990**
 256 ***Neoplecostomus selenae* Zawadzki, Pavanelli & Langeani, 2008**
 257 ***Neoplecostomus yapo* Zawadzki, Pavanelli & Langeani, 2008**
 258 ***Otothyropsis marapoama* Ribeiro; Carvalho & Melo, 2005**
 259 ***Pareorhina carrancas* Bockmann & Ribeiro, 2003**
 260 ***Proloricaria proluxa* (Isbrücker & Nijssen, 1978)**
 261 ***Pseudotocinclus tietensis* (Ihering, 1907)**
 262 ***Pterygoplichthys anisitsi* Eigenmann & Kennedy, 1903**
 263 ***Rhinelepis aspera* Spix & Agassiz, 1829**
 264 ***Rineloricaria latirostris* (Boulenger, 1900)**
 265 ***Rineloricaria pentamaculata* Langeani & Araújo, 1994**
- Pimelodidae**
- 266 *Hemisorubim platyrhynchos* (Valenciennes, 1840)
 267 *Hypophthalmus edentatus* Spix & Agassiz, 1829
 268 ***Hypophthalmus oremaculatus* (Nani & Fuster, 1947) ***

269	<i>Iheringichthys labrosus</i> (Lütken, 1874)
270	<i>Megalonema platanum</i> (Günther, 1880)
271	<i>Pimelodus argenteus</i> Perugia, 1891
272	<i>Pimelodus fur</i> (Lütken, 1874)
273	<i>Pimelodus heraldoi</i> Azpelicueta, 2001
274	<i>Pimelodus maculatus</i> La Cépède, 1803
275	<i>Pimelodus ornatus</i> Kner, 1858
276	<i>Pimelodus paranaensis</i> Britski & Langeani, 1988
277	<i>Pimelodus platycirris</i> Borodin, 1927
278	<i>Pinirampus pirinampu</i> (Spix & Agassiz, 1829)
279	<i>Pseudoplatystoma corruscans</i> (Spix & Agassiz, 1829)
280	<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i> (Linnaeus, 1766)
281	<i>Sorubim lima</i> (Bloch & Schneider, 1801)
282	<i>Steindachneridion punctatum</i> (Miranda-Ribeiro, 1918)
283	<i>Steindachneridion scriptum</i> (Miranda-Ribeiro, 1918)
284	<i>Zungaro jahu</i> (Ihering, 1898)

Pseudopimelodidae

285	<i>Microglanis garavello</i> Shibatta & Benine, 2005
286	<i>Pseudopimelodus aff. pulcher</i> (Boulenger, 1887)
287	<i>Pseudopimelodus mangurus</i> (Valenciennes, 1835)

Scoloplacidae

288	<i>Scoloplax empousa</i> Schaefer, Weitzman & Britski, 1989
-----	---

Trichomycteridae

289	<i>Parastegophilus paulensis</i> (Miranda Ribeiro, 1918)
290	<i>Paravandellia oxyptera</i> Miranda Ribeiro, 1912
291	<i>Trichomycterus brasiliensis</i> Lütken, 1874
292	<i>Trichomycterus candidus</i> (Miranda-Ribeiro, 1949)
293	<i>Trichomycterus diabolus</i> Bockmann; Casatti & de Pinna, 2004
294	<i>Trichomycterus iheringi</i> (Eigenmann, 1917) *
295	<i>Trichomycterus maracaya</i> Bockmann & Sazima, 2004
296	<i>Trichomycterus mimonha</i> Costa, 1992 *
297	<i>Trichomycterus paolence</i> (Eigenmann, 1917)
298	<i>Trichomycterus pauciradiatus</i> Alencar & Costa, 2006
299	<i>Trichomycterus vermiculatus</i> (Eigenmann, 1917) *

ATHERINIFORMES

Atherinopsidae

300	<i>Odonthestes bonariensis</i> (Valenciennes, 1835)
-----	---

CYPRINODONTIFORMES

Poeciliidae

301	<i>Cnesterodon hypselurus</i> Lucinda & Garavello, 2001
302	<i>Pamphorichthys hollandi</i> (Henn, 1916)
303	<i>Phalloceros caudimaculatus</i> (Hensel, 1868)

- 304 ***Phalloceros harpagos* Lucinda 2008**
 305 ***Phalloceros reisi* Lucinda, 2008**
 306 *Phallotorynus fasciolatus* Henn, 1916
 307 *Phallotorynus jucundus* Ihering, 1930
 308 *Phallotorynus pankalos* Lucinda; Rosa & Reis, 2005
 309 *Phallotorynus victoriae* Oliveros, 1983
 310 ***Poecillia reticulata* Peters, 1859**
 311 ***Poecillia vivipara* Bloch & Schneider, 1801**
 312 *Xiphophorus helleri* Heckel, 1848
 313 *Xiphophorus maculatus* (Günther, 1866)

Rivulidae

- 314 ***Rivulus apiamici* Costa, 1989**
 315 *Rivulus egens* Costa, 2005
 316 *Rivulus pictus* Costa, 1989
 317 *Rivulus pinima* Costa, 1989
 318 *Rivulus rossoi* Costa, 2005
 319 *Rivulus rutilicaudus* Costa, 2005
 320 ***Rivulus santensis* Köhler, 1906 ***
 321 *Rivulus scalaris* Costa, 2005
 322 *Rivulus vittatus* Costa, 1989
 323 *Simpsonichthys boitonei* de Carvalho, 1959
 324 *Simpsonichthys parallelus* Costa, 2002
 325 *Simpsonichthys santanae* Shibata & Garavello, 1992

SYNBRANCHIFORMES

Synbranchidae

- 326 ***Synbranchus marmoratus* Bloch, 1795**

PERCIFORMES

Centrarchidae

- 327 *Micropterus salmoides* (La Cepède, 1802)

Cichlidae

- 328 ***Astronotus crassipinnis* Heckel, 1840**
 329 ***Australoheros facetus* (Jenyns, 1842)**
 330 ***Cichla kelberi* Kullander & Ferreira, 2006**
 331 ***Cichla monoculus* ***
 332 ***Cichla piquiti* Kullander & Ferreira, 2006**
 333 ***Cichlasoma paranaense* Kullander, 1983**
 334 ***Crenicichla britskii* Kullander, 1982**
 335 ***Crenicichla haroldoi* Luengo & Britski, 1974**
 336 *Crenicichla jaguarensis* Haseman, 1911
 337 *Crenicichla jupiaiensis* Britski & Luengo, 1968
 338 *Crenicichla niederleinii* (Holmberg, 1891)
 339 ***Geophagus brasiliensis* (Quoy & Gaimard, 1824)**
 340 ***Geophagus proximus* (Castelnau, 1855)**

341	<i>Gymnogeophagus setequedas</i> Reis; Malabarba & Pavanelli, 1992
342	<i>Oreochromis niloticus</i> (Linnaeus, 1758)
343	<i>Satanoperca pappaterra</i> (Heckel, 1840)
344	<i>Tilapia rendalli</i> (Boulenger, 1897)

Sciaenidae

345	<i>Plagioscion squamosissimus</i> (Heckel, 1840)
-----	--

PLEURONECTIFORMES

Achiridae

346	<i>Catathyridium jenynsii</i> (Günther, 1862)
-----	---

ESPÉCIES IDENTIFICADAS ATÉ O NÍVEL DE GÊNERO

CHARACIFORMES

Characidae

1	<i>Bryconamericus sp1</i>
2	<i>Bryconamericus sp2</i>
3	<i>Hesemania sp.</i>
4	<i>Hyphessobrycon sp1</i>
5	<i>Hyphessobrycon sp2</i>
6	<i>Odontostilbe sp.</i>
7	<i>Serrapinnus sp1</i>
8	<i>Serrapinnus sp2</i>

Crenuchidae

9	<i>Characidium sp.</i>
---	------------------------

GYMNOTIFORMES

Gymnotidae

10	<i>Gymnotus sp.</i>
----	---------------------

Rhamphichthyidae

11	<i>Gymnorhamphichthys sp.</i>
----	-------------------------------

SILURIFORMES

Heptapteridae

12	<i>Chasmocranus sp.</i>
13	<i>Pimelodella sp1</i>

Loricariidae

14	<i>Microlepdogaster sp.</i>
15	<i>Microlepdogaster sp1</i>
16	<i>Microlepdogaster sp2</i>
17	<i>Neoplecostomus sp.</i>
18	<i>Neoplecostomus sp1</i>
19	<i>Neoplecostomus sp2</i>
20	<i>Neoplecostomus sp3</i>

21	<i>Neoplecostomus sp4</i>
22	<i>Neoplecostomus sp5</i>
23	<i>Neoplecostomus sp6</i>
24	<i>Neoplecostomus sp7</i>
25	<i>Neoplecostomus sp8</i>
26	<i>Neoplecostomus sp9</i>
27	<i>Neoplecostomus sp10</i>
28	<i>Neoplecostomus sp11</i>
29	<i>Otothyropsis sp.</i>
30	<i>Pareiorhina sp.</i>

Pseudopimelodidae

31	<i>Pseudopimelodus sp.</i>
----	----------------------------

Trichomycteridae

32	<i>Ituglanis sp. *</i>
33	<i>Trichomycterus sp1</i>
34	<i>Trichomycterus sp2</i>
35	<i>Trichomycterus sp3</i>
36	<i>Trichomycterus sp4</i>
37	<i>Trichomycterus sp5</i>
38	<i>Trichomycterus sp6</i>

PERCIFORMES

Cichlidae

39	<i>Cichla sp.</i>
40	<i>Crenicichla sp1</i>
41	<i>Crenicichla sp2</i>
42	<i>Laetacara sp. *</i>

ESPÉCIES PERTENCENTES À OUTRAS BACIAS HIDROGRÁFICAS

1	<i>Astyanax abramis</i> (Jenyns, 1842) – bacia do Rio Paraguai
2	<i>Astyanax rivularis</i> (Lütken, 1875) – bacia do Rio São Francisco
3	<i>Creagrutus meridionalis</i> Vari & Harold, 2001 - bacia do Rio Paraguai
4	<i>Neoplecostomus espiritosantensis</i> Langeani, 1990 – bacia do leste (rios costeiros)
5	<i>Neoplecostomus franciscoensis</i> Langeani, 1990 - bacia do Rio São Francisco
6	<i>Neoplecostomus microps</i> (Steindachner, 1877) – bacia do Rio Paraíba do Sul
7	<i>Neoplecostomus ribeirensis</i> Langeani, 1990 – bacia do rio Ribeira de Iguape
8	<i>Neoplecostomus sp12</i> - bacia do Rio São Francisco

Anexo 2

Lista dos espécimes analisados no presente trabalho.

Número BOLD	Voucher	Lote	COI (pb)	Ordem	Família	Espécie	Estado	Lat	Lon	GenBank
FUPR023-09	LBP-15173	15173	675	Characiformes	Acetrorhynchidae	<i>Acetrorhynchus lacustris</i>	Sao Paulo	-22,34090042	-48,93470001	
FUPR024-09	LBP-15174	15174	636	Characiformes	Acetrorhynchidae	<i>Acetrorhynchus lacustris</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	
FUPR025-09	LBP-17212	17212	696	Characiformes	Acetrorhynchidae	<i>Acetrorhynchus lacustris</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	
FUPR026-09	LBP-17213	17213	633	Characiformes	Acetrorhynchidae	<i>Acetrorhynchus lacustris</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	
FUPR027-09	LBP-15206	15206	642	Characiformes	Acetrorhynchidae	<i>Acetrorhynchus lacustris</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	
FUPR391-09	LBP-31749	31749	642	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporellus vittatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701943
FUPR392-09	LBP-11254	11254	651	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporellus vittatus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	GU701641
FUPR393-09	LBP-11255	11255	651	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporellus vittatus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	GU701640
FUPR394-09	LBP-11256	11256	606	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporellus vittatus</i>	Sao Paulo	-22,94120026	-48,58420181	
FUPR028-09	LBP-20121	20121	660	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus amblyrhynchus</i>	Sao Paulo	-22,94120026	-48,58420181	
FUPR029-09	LBP-21828	21828	561	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus amblyrhynchus</i>	Sao Paulo	-22,94140053	-48,58420181	
FUPR030-09	LBP-21829	21829	597	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus amblyrhynchus</i>	Sao Paulo	-22,94140053	-48,58420181	
FUPR031-09	LBP-21830	21830	570	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus amblyrhynchus</i>	Minas Gerais	-21,7791996	-48,5306015	
FUPR1209-10	LBP-19852	19852	633	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus elongatus</i>	Minas Gerais	-21,7791996	-48,5306015	
FUPR1207-10	LBP-19850	19850	630	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus elongatus</i>	Minas Gerais	-21,7791996	-48,5306015	
FUPR1206-10	LBP-19849	19849	627	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus elongatus</i>	Minas Gerais	-21,7791996	-48,5306015	
FUPR1344-10	LBP-44955	44955	612	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Minas Gerais	-21,7791996	-48,5306015	
FUPR1343-10	LBP-44954	44954	627	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Sao Paulo	-22,94140053	-48,58420181	
FUPR1342-10	LBP-44953	44953	630	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Minas Gerais	-19,68330002	-48,66910172	
FUPR032-09	LBP-9213	9213	648	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Minas Gerais	-19,68330002	-48,66910172	
FUPR033-09	LBP-9215	9215	600	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Minas Gerais	-19,68330002	-48,66910172	
FUPR034-09	LBP-9056	9056	579	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus friderici</i>	Minas Gerais	-19,68330002	-48,66910172	
FUPR035-09	LBP-17346	17346	564	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR036-09	LBP-17347	17347	540	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR037-09	LBP-20138	20138	573	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	
FUPR038-09	LBP-20139	20139	558	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	
FUPR039-09	LBP-20140	20140	678	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	
FUPR040-09	LBP-20141	20141	690	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	
FUPR041-09	LBP-21857	21857	585	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus lacustris</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	
FUPR1203-10	LBP-19469	19469	657	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus macrocephalus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	
FUPR204-09	LBP-35830	35830	585	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus microphthalmus</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR205-09	LBP-35831	35831	696	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus microphthalmus</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR206-09	LBP-35832	35832	672	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus microphthalmus</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR1210-10	LBP-19854	19854	669	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus obtusidens</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR1208-10	LBP-19851	19851	669	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus obtusidens</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR1202-10	LBP-15587	15587	669	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus obtusidens</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR042-09	LBP-9231	9231	624	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus octofasciatus</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR043-09	LBP-9239	9239	621	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus octofasciatus</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	
FUPR044-09	LBP-9244	9244	630	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus octofasciatus</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	
FUPR045-09	LBP-22674	22674	687	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus octofasciatus</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	
FUPR1339-10	LBP-44903	44903	654	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	

FUPR1338-10	LBP-44902	44902	645	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-23,1499962	-48,26670074
FUPR1337-10	LBP-44901	44901	669	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059
FUPR046-09	LBP-21936	21936	705	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059
FUPR047-09	LBP-21937	21937	609	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059
FUPR048-09	LBP-21938	21938	576	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059
FUPR049-09	LBP-21939	21939	654	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Sao Paulo	-22,99040031	-48,42720032
FUPR050-09	LBP-22443	22443	636	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus paranensis</i>	Goias	-17,77059937	-48,65570068
FUPR051-09	LBP-17483	17483	729	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus striatus</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858
FUPR052-09	LBP-16871	16871	756	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus striatus</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858
FUPR214-09	LBP-25910	25910	687	Characiformes	Anostomidae	<i>Leporinus striatus</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858
FUPR053-09	LBP-17450	17450	600	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon intermedius</i>			
FUPR054-09	LBP-17451	17451	702	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon intermedius</i>			
FUPR055-09	LBP-17452	17452	642	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon intermedius</i>			
FUPR056-09	LBP-17453	17453	639	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon intermedius</i>			
FUPR057-09	LBP-19847	19847	648	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon intermedius</i>			
FUPR058-09	LBP-20160	20160	642	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon nasutus</i>			
FUPR059-09	LBP-20161	20161	651	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon nasutus</i>			
FUPR060-09	LBP-20162	20162	621	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon nasutus</i>			
FUPR215-09	LBP-21861	21861	693	Characiformes	Anostomidae	<i>Schizodon nasutus</i>			
FUPR061-09	LBP-19747	19747	624	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax anisitsi</i>	Minas Gerais	-21,73209953	-46,42290115
FUPR207-09	LBP-32159	32159	782	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax anisitsi</i>	Minas Gerais	-21,73209953	-46,42290115
FUPR239-09	LBP-30160	32160	747	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax anisitsi</i>	Minas Gerais	-21,73209953	-46,42290115
FUPR415-09	LBP-32160	32160	606	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax anisitsi</i>	Minas Gerais	-21,73209953	-46,42290115
FUPR1360-10	LBP-45712	45712	645	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax dentatus</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009
FUPR1359-10	LBP-45711	45711	642	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax dentatus</i>	Parana	-23,64159966	-51,85919952
FUPR1357-10	LBP-45650	45650	642	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocharax dentatus</i>	Distrito Federal	-15,11470032	-47,04610062
FUPR1270-10	LBP-40029	40029	654	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocheirodon hemigrammus</i>	Goias	-17,09939957	-48,76150131
FUPR1269-10	LBP-40028	40028	654	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocheirodon hemigrammus</i>	Goias	-17,09939957	-48,76150131
FUPR1268-10	LBP-40027	40027	648	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocheirodon hemigrammus</i>	Goias	-17,1196003	-48,73989868
FUPR1267-10	LBP-40026	40026	642	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocheirodon hemigrammus</i>	Goias	-17,1196003	-48,73989868
FUPR1266-10	LBP-40025	40025	642	Characiformes	Characidae	<i>Aphyocheirodon hemigrammus</i>	Goias	-17,1196003	-48,73989868
FUPR1060-10	LBP-28315	28315	683	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Minas Gerais	-21,32110023	-46,51129913
FUPR1059-10	LBP-26170	26170	615	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-15,35270023	-56,02500153
FUPR1058-10	LBP-26169	26169	700	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031
FUPR1057-10	LBP-26168	26168	679	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031
FUPR1056-10	LBP-26167	26167	694	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031
FUPR1055-10	LBP-26166	26166	653	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031
FUPR1053-10	LBP-28297	28297	688	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-15,63029957	-56,06309891
FUPR1052-10	LBP-28296	28296	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax abramis</i>	Mato Grosso	-15,63029957	-56,06309891
FUPR1041-10	LBP-19553	19553	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895
FUPR1042-10	LBP-19554	19554	735	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895
FUPR1043-10	LBP-26384	26384	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR1044-10	LBP-21444	21444	675	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133
FUPR1045-10	LBP-21445	21445	621	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133
FUPR1046-10	LBP-21446	21446	747	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133
FUPR1047-10	LBP-35319	35319	756	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Minas Gerais	-18,42449951	-48,06529999
FUPR1048-10	LBP-35320	35320	756	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Minas Gerais	-18,42449951	-48,06529999
FUPR1049-10	LBP-35321	35321	765	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Minas Gerais	-18,42449951	-48,06529999
FUPR1050-10	LBP-35322	35322	765	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparanan</i>	Minas Gerais	-18,42449951	-48,06529999

FUPR1051-10	LBP-35323	35323	747	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Minas Gerais	-18,42449951	-48,06529999
FUPR1129-10	LBP-20174	20174	690	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26499939
FUPR1130-10	LBP-20175	20175	687	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26499939
FUPR1131-10	LBP-24768	24768	702	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72999954	-53,31800079
FUPR1132-10	LBP-24769	24769	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72999954	-53,31800079
FUPR1133-10	LBP-29960	29960	663	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Parana	-24,0739994	-52,29100037
FUPR1134-10	LBP-29961	29961	693	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Parana	-24,0739994	-52,29100037
FUPR1135-10	LBP-34717	34717	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Parana	-25,09199905	-52,49499893
FUPR1036-10	LBP-8910	8910	660	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085
FUPR1037-10	LBP-17317	17317	639	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR1038-10	LBP-17318	17318	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR1039-10	LBP-19523	19523	675	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Sao Paulo	-22,93540001	-48,32210159
FUPR1040-10	LBP-19524	19524	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax altiparananæ</i>	Sao Paulo	-22,93540001	-48,32210159
FUPR1003-09	LBP-40268	40268	606	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR1002-09	LBP-40267	40267	606	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR1001-09	LBP-40266	40266	606	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR1000-09	LBP-40265	40265	606	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR999-09	LBP-40264	40264	606	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR1061-10	LIRP-4276a	R29	723	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>			
FUPR1062-10	LIRP-4276b	R30	750	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax biotae</i>	Parana	-22,64220047	-52,81639862
FUPR1110-10	LBP-25951	25951	723	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Parana	-22,64220047	-52,81639862
FUPR1111-10	LBP-25952	25952	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Sao Paulo	-22,36860085	-47,47719955
FUPR1112-10	LBP-25974	25974	639	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Sao Paulo	-22,36860085	-47,47719955
FUPR1113-10	LBP-25975	25975	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994
FUPR1114-10	LBP-26330	26330	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994
FUPR1187-10	LBP-33575	33575	786	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax bockmanni</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877
FUPR1145-10	LBP-35599	35599	672	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-19,61599922	-47,45000076
FUPR1146-10	LBP-35600	35600	645	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-19,61599922	-47,45000076
FUPR251-09	LBP-24893	24893	750	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892
FUPR1072-10	LBP-28401	28401	582	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,58810043	-46,31900024
FUPR1073-10	LBP-28402	28402	633	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,58810043	-46,31900024
FUPR1074-10	LBP-28403	28403	675	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,58810043	-46,31900024
FUPR1075-10	LBP-32215	32215	648	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1076-10	LBP-32216	32216	759	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1077-10	LBP-32217	32217	762	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1078-10	LBP-32218	32218	753	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1079-10	LBP-32221	32221	735	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1080-10	LBP-32222	32222	645	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1081-10	LBP-32223	32223	786	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1082-10	LBP-32224	32224	786	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1083-10	LBP-29704	29704	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-23,29109955	-51,2336998
FUPR1084-10	LBP-29705	29705	582	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-23,29109955	-51,2336998
FUPR1085-10	LBP-29708	29708	579	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-23,29109955	-51,2336998
FUPR1086-10	LBP-29709	29709	687	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-23,29109955	-51,2336998
FUPR1093-10	LBP-28388	28388	717	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,94319916	-46,43259811
FUPR1094-10	LBP-28389	28389	663	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,94319916	-46,43259811
FUPR1095-10	LBP-28390	28390	726	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,94319916	-46,43259811
FUPR1096-10	LBP-28391	28391	651	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,94319916	-46,43259811

FUPR1097-10	LBP-28392	28392	660	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,94319916	-46,43259811
FUPR1107-10	LBP-25629	25629	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,73889923	-48,47409821
FUPR1108-10	LBP-25630	25630	756	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,73889923	-48,47409821
FUPR1109-10	LBP-25631	25631	762	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,73889923	-48,47409821
FUPR1118-10	LBP-10597	10597	750	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1119-10	LBP-10611	10611	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1120-10	LBP-10612	10612	765	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1121-10	LBP-10613	10613	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1122-10	LBP-10628	10628	723	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1123-10	LBP-10639	10639	699	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1064-10	LBP-21441	21441	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133
FUPR1065-10	LBP-26313	26313	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-21,34690094	-47,6332016
FUPR1066-10	LBP-28436	28436	675	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077
FUPR1067-10	LBP-28437	28437	639	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077
FUPR1068-10	LBP-28439	28439	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077
FUPR1069-10	LBP-28440	28440	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077
FUPR1070-10	LBP-22587	22587	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885
FUPR1071-10	LBP-28399	28399	645	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,58810043	-46,31900024
FUPR1148-10	LBP-35880	35880	657	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,73900032	-48,47399902
FUPR1149-10	LBP-35881	35881	690	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,73900032	-48,47399902
FUPR1150-10	LBP-35893	35893	636	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,77099991	-48,65599823
FUPR1151-10	LBP-35894	35894	636	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,77099991	-48,65599823
FUPR1156-10	LBP-4171	4171	708	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,77099991	-48,65599823
FUPR1157-10	LBP-4172	4172	633	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,77099991	-48,65599823
FUPR1158-10	LBP-4173	4173	657	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,77099991	-48,65599823
FUPR1159-10	LBP-22886	22886	669	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-18,40029907	-45,47100067
FUPR1160-10	LBP-22887	22887	666	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-18,40029907	-45,47100067
FUPR1165-10	LBP-22498	22498	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-18,40029907	-45,47100067
FUPR1166-10	LBP-35817	35817	645	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Distrito Federal	-15,11499977	-47,04600143
FUPR1167-10	LBP-29192	29192	591	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Distrito Federal	-15,11499977	-47,04600143
FUPR1168-10	LBP-29193	29193	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,02400017	-48,82799911
FUPR1173-10	LBP-35863	35863	630	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,09900093	-48,76200104
FUPR1174-10	LBP-35865	35865	585	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,09900093	-48,76200104
FUPR1175-10	LBP-35867	35867	684	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,09900093	-48,76200104
FUPR1176-10	LBP-36237	36237	669	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,35099983	-46,49300003
FUPR1177-10	LBP-35864	35864	663	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-21,35099983	-46,49300003
FUPR1178-10	LBP-35866	35866	618	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Minas Gerais	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1181-10	LBP-33574	33574	798	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1182-10	LBP-33577	33577	786	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1183-10	LBP-33583	33583	762	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Goiás	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1184-10	LBP-33585	33585	783	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1185-10	LBP-33589	33589	720	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1186-10	LBP-32219	32219	786	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-17,12000084	-48,74000168
FUPR1305-10	LBP-44570	44570	639	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1308-10	LBP-44579	44579	639	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Sao Paulo	-23,58189964	-45,96689987
FUPR1315-10	LBP-44718	44718	642	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Distrito Federal	-15,58170033	-47,50640106
FUPR1316-10	LBP-44719	44719	642	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax fasciatus</i>	Distrito Federal	-15,58170033	-47,50640106
FUPR1142-10	LBP-29854	29853	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Goiás	-15,66730022	-47,95240021
							Goiás	-15,66730022	-47,95240021
							Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994

FUPR439-09	LBP-37542	37542	642	Characiformes	Characidae	<i>Brycon nattereri</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU7011948
FUPR440-09	LBP-37543	37543	606	Characiformes	Characidae	<i>Brycon nattereri</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701846
FUPR441-09	LBP-37544	37544	606	Characiformes	Characidae	<i>Brycon nattereri</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701845
FUPR442-09	LBP-37545	37545	642	Characiformes	Characidae	<i>Brycon nattereri</i>	Minas Gerais	-20,23699951	-46,6629982	GU701844
FUPR240-09	LBP-10480	10480	765	Characiformes	Characidae	<i>Brycon orbignyus</i>	Minas Gerais	-20,28700066	-46,58200073	GU701451
FUPR241-09	LBP-18007	18007	750	Characiformes	Characidae	<i>Brycon orbignyus</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701946
FUPR248-09	LBP-18006	18006	741	Characiformes	Characidae	<i>Brycon orbignyus</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701947
FUPR443-09	LBP-18005	18005	648	Characiformes	Characidae	<i>Brycon orbignyus</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701450
FUPR1238-10	LBP-29925	29925	645	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701843
FUPR1237-10	LBP-29924	29924	645	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701846
FUPR1233-10	LBP-29778	29778	630	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701845
FUPR1232-10	LBP-29777	29777	669	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,14599991	-46,66999817	GU701844
FUPR065-09	LBP-18706	18706	681	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,28700066	-46,58200073	GU701451
FUPR066-09	LBP-18707	18707	624	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,23699951	-46,6629982	GU701946
FUPR180-09	LBP-34658	34658	675	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,01000023	-43,96900177	GU701947
FUPR182-09	LBP-34762	34762	666	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus exodon</i>	Minas Gerais	-20,28700066	-43,63199997	GU701450
FUPR081-09	LBP-31886	31886	606	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus sp1</i>	Minas Gerais	-20,31200027	-43,56700134	
FUPR1333-10	LBP-44828	44828	642	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus sp2</i>	Minas Gerais	-20,31200027	-43,56700134	
FUPR063-09	LBP-14155	14155	687	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus stramineus</i>	Minas Gerais	-17,49099922	-48,36999893	
FUPR064-09	LBP-14156	14156	687	Characiformes	Characidae	<i>Bryconamericus stramineus</i>	Minas Gerais	-17,49099922	-48,36999893	GU701950
FUPR1221-10	LBP-26121	26121	633	Characiformes	Characidae	<i>Cheirodon stenodon</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1220-10	LBP-26120	26120	630	Characiformes	Characidae	<i>Cheirodon stenodon</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1219-10	LBP-26119	26119	606	Characiformes	Characidae	<i>Cheirodon stenodon</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1218-10	LBP-26118	26118	630	Characiformes	Characidae	<i>Cheirodon stenodon</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR067-09	LBP-3923	3923	540	Characiformes	Characidae	<i>Galeocharax kneri</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	
FUPR068-09	LBP-20164	20164	540	Characiformes	Characidae	<i>Galeocharax kneri</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	
FUPR069-09	LBP-24539	24539	630	Characiformes	Characidae	<i>Glandulocauda melanogenys</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR070-09	LBP-24540	24540	630	Characiformes	Characidae	<i>Glandulocauda melanogenys</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR071-09	LBP-24541	24541	678	Characiformes	Characidae	<i>Glandulocauda melanogenys</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR072-09	LBP-26087	26087	651	Characiformes	Characidae	<i>Gymnocorymbus ternetzi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR073-09	LBP-26088	26088	774	Characiformes	Characidae	<i>Gymnocorymbus ternetzi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR074-09	LBP-26310	26310	621	Characiformes	Characidae	<i>Gymnocorymbus ternetzi</i>	Sao Paulo	-23,53000069	-45,79800034	
FUPR194-09	LBP-26309	26309	669	Characiformes	Characidae	<i>Gymnocorymbus ternetzi</i>	Sao Paulo	-23,53000069	-45,79800034	
FUPR195-09	LBP-26311	26311	762	Characiformes	Characidae	<i>Gymnocorymbus ternetzi</i>	Sao Paulo	-23,53000069	-45,79800034	
FUPR311-09	LBP-33197	33197	606	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian crenuchoides</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76200104	GU701752
FUPR312-09	LBP-33198	33198	651	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian crenuchoides</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76200104	GU701754
FUPR313-09	LBP-33199	33199	633	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian crenuchoides</i>	Minas Gerais	-22,74300003	-45,73899841	GU701753
FUPR314-09	LBP-33200	33200	651	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian crenuchoides</i>	Minas Gerais	-22,74300003	-45,73899841	GU701952
FUPR978-09	LBP-34937b	34937	651	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian crenuchoides</i>	Minas Gerais	-22,74300003	-45,73899841	
FUPR1332-10	LBP-44801	44801	642	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Minas Gerais	-22,61000061	-45,49200058	
FUPR1322-10	LBP-44746	44746	654	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994	
FUPR1319-10	LBP-44728	44728	645	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Sao Paulo	-21,09040007	-50,57160187	
FUPR1314-10	LBP-44659	44659	645	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Sao Paulo	-21,09040007	-50,57160187	
FUPR1307-10	LBP-44576	44576	645	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Sao Paulo	-21,28700066	-50,13999939	
FUPR1306-10	LBP-44575	44575	642	Characiformes	Characidae	<i>Hasemanian sp.</i>	Sao Paulo	-23,66699982	-46,18299866	
FUPR176-09	LBP-25868	25868	681	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,66600037	-46,18299866	
FUPR177-09	LBP-25869	25869	666	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,66699982	-46,18299866	
FUPR196-09	LBP-29416	29416	678	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,66699982	-46,18299866	
FUPR197-09	LBP-29417	29417	684	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,66699982	-46,18299866	

FUPR1143-10	LBP-29855	29853	699	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994
FUPR1144-10	LBP-29856	29853	684	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994
FUPR1087-10	LBP-29735	29735	666	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1088-10	LBP-29736	29736	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1089-10	LBP-29737	29737	618	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1090-10	LBP-29738	29738	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1091-10	LBP-29739	29739	669	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1092-10	LBP-29740	29740	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141
FUPR1098-10	LBP-10309	10309	705	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,89019966	-48,48929977
FUPR1099-10	LBP-10310	10310	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,89019966	-48,48929977
FUPR1100-10	LBP-12280	12280	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,89019966	-48,48929977
FUPR1101-10	LBP-12282	12282	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,89019966	-48,48929977
FUPR1102-10	LBP-21419	21419	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133
FUPR1103-10	LBP-21798	21798	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872
FUPR1104-10	LBP-21799	21799	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872
FUPR1105-10	LBP-22588	22588	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885
FUPR1115-10	LBP-10626	10626	708	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1116-10	LBP-10629	10629	726	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1117-10	LBP-10630	10630	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,37789917	-49,80540085
FUPR1137-10	LBP-34884	34884	675	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-19,61599922	-47,45000076
FUPR1138-10	LBP-34885	34885	585	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-19,61599922	-47,45000076
FUPR1139-10	LBP-34886	34886	666	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-19,61599922	-47,45000076
FUPR1140-10	LBP-29852	29853	576	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994
FUPR1141-10	LBP-29853	29853	702	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994
FUPR1147-10	LBP-35818	35818	684	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Goiás	-17,09900093	-48,76200104
FUPR1152-10	LBP-35971	35971	627	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,31900024	-52,48899841
FUPR1153-10	LBP-35972	35972	687	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,31900024	-52,48899841
FUPR1154-10	LBP-35981	35981	681	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,09199905	-52,49499893
FUPR1155-10	LBP-35982	35982	618	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Parana	-25,09199905	-52,49499893
FUPR1169-10	LBP-28013	28013	660	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-21,35899925	-46,47399902
FUPR1170-10	LBP-28014	28014	645	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-21,35899925	-46,47399902
FUPR1171-10	LBP-28071	28071	666	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-21,37999916	-46,47499847
FUPR1172-10	LBP-28037	28037	672	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax paranae</i>	Minas Gerais	-21,30200005	-46,47600174
FUPR1163-10	LBP-31555	31555	666	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax rivularis</i>	Minas Gerais	-20,09700012	-44,04199982
FUPR1162-10	LBP-31554	31554	658	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax rivularis</i>	Minas Gerais	-20,09700012	-44,04199982
FUPR1161-10	LBP-31553	31553	665	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax rivularis</i>	Minas Gerais	-20,09700012	-44,04199982
FUPR1124-10	LBP-31723	31723	678	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax schubarti</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059
FUPR1125-10	LBP-31724	31724	738	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax schubarti</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059
FUPR1126-10	LBP-31725	31725	738	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax schubarti</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059
FUPR1127-10	LBP-31726	31726	684	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax schubarti</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059
FUPR1128-10	LBP-31728	31728	705	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax schubarti</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059
FUPR1106-10	LBP-26029	26029	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax trierythropterus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112
FUPR1179-10	LBP-26027	26027	744	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax trierythropterus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112
FUPR1180-10	LBP-26028	26028	747	Characiformes	Characidae	<i>Astyanax trierythropterus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112
FUPR403-09	LBP-17628	17628	651	Characiformes	Characidae	<i>Brycon hilarii</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877
FUPR404-09	LBP-24811	24811	651	Characiformes	Characidae	<i>Brycon hilarii</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877
FUPR405-09	LBP-24812	24812	651	Characiformes	Characidae	<i>Brycon hilarii</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877
FUPR406-09	LBP-24813	24813	645	Characiformes	Characidae	<i>Brycon hilarii</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877
FUPR407-09	LBP-24815	24815	651	Characiformes	Characidae	<i>Brycon hilarii</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877

FUPR198-09	LBP-29418	29418	669	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	GU701410
FUPR424-09	LBP-17392	17392	651	Characiformes	Characidae	<i>Hemigrammus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,65579987	-46,83110046	
FUPR075-09	LBP-24548	24548	786	Characiformes	Characidae	<i>Hollandichthys multifasciatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR076-09	LBP-24549	24549	558	Characiformes	Characidae	<i>Hollandichthys multifasciatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR416-09	LBP-24550	24550	648	Characiformes	Characidae	<i>Hollandichthys multifasciatus</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701423
FUPR417-09	LBP-24551	24551	648	Characiformes	Characidae	<i>Hollandichthys multifasciatus</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701411
FUPR418-09	LBP-24552	24552	648	Characiformes	Characidae	<i>Hollandichthys multifasciatus</i>	Sao Paulo	-21,37750053	-47,65919876	GU701419
FUPR1331-10	LBP-44790	44790	642	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon balbus</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR1330-10	LBP-44779	44779	642	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon balbus</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR1326-10	LBP-44771	44771	642	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon balbus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	
FUPR1318-10	LBP-44724	44724	642	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon balbus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	
FUPR1317-10	LBP-44723	44723	639	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon balbus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	
FUPR419-09	LBP-25895	25895	645	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	HM422469
FUPR420-09	LBP-22646	22646	606	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	
FUPR422-09	LBP-22648	22648	606	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon bifasciatus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	
FUPR178-09	LBP-17327	17327	690	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	
FUPR179-09	LBP-19557	19557	690	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR211-09	LBP-29401	29401	693	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR212-09	LBP-29402	29402	633	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR213-09	LBP-29403	29403	581	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR423-09	LBP-8220	8220	648	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon eques</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	GU701409
FUPR1027-09	LBP-36303	36303	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	GU701421
FUPR375-09	LBP-36304	36304	654	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	GU701882
FUPR376-09	LBP-36305	36305	654	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	GU701883
FUPR377-09	LBP-36306	36306	654	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	GU701879
FUPR378-09	LBP-36307	36307	654	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701880
FUPR984-09	LBP-40460	40460	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701915
FUPR985-09	LBP-40461	40461	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-22,82040024	-48,10409927	GU701916
FUPR986-09	LBP-40462	40462	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-22,82040024	-48,10409927	GU701912
FUPR987-09	LBP-40463	40463	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-22,82040024	-48,10409927	GU701913
FUPR988-09	LBP-40464	40464	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon flammmeus</i>	Sao Paulo	-22,82040024	-48,10409927	GU701909
FUPR408-09	LBP-34942	34942	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842	GU701734
FUPR409-09	LBP-34943	34943	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701738
FUPR410-09	LBP-34944	34944	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701737
FUPR411-09	LBP-34945	34945	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701740
FUPR412-09	LBP-34946	34946	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72209993	-53,28649902	GU701739
FUPR413-09	LBP-34947	34947	651	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp1</i>	Sao Paulo	-22,91670036	-48,5	GU701741
FUPR421-09	LBP-22647	22647	645	Characiformes	Characidae	<i>Hyphessobrycon sp2</i>	Sao Paulo	-22,91670036	-48,5	HM422470
FUPR1321-10	LBP-44740	44740	642	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-40,12279892	
FUPR1320-10	LBP-44735	44735	645	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR1294-10	LBP-44506	44506	654	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR1293-10	LBP-44501	44501	642	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR001-09	LBP-31934	31934	684	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-22,91010094	-48,38899994	
FUPR002-09	LBP-31935	31935	702	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-22,91010094	-48,38899994	
FUPR003-09	LBP-31936	31936	690	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-22,76339912	-48,26160049	
FUPR004-09	LBP-31962	31962	687	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	
FUPR244-09	LBP-35950	35950	699	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	
FUPR245-09	LBP-35951	35951	696	Characiformes	Characidae	<i>Knodus moenkhausii</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	
FUPR1323-10	LBP-44750	44750	645	Characiformes	Characidae	<i>Kolpotocheirodon theloura</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	

FUPR445-09	LBP-25982	25982	651	Characiformes	Characidae	<i>Kolpotocheirodon theloura</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	HM376391
FUPR395-09	LBP-38090	38090	651	Characiformes	Characidae	<i>Lophobrycon weitzmani</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701436
FUPR396-09	LBP-38091	38091	651	Characiformes	Characidae	<i>Lophobrycon weitzmani</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701433
FUPR397-09	LBP-38093	38093	651	Characiformes	Characidae	<i>Lophobrycon weitzmani</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701435
FUPR1035-10	LBP-42795	42795	597[1n]	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Parana	-22,66049957	-53,0848999	
FUPR1034-10	LBP-42793	42793	609	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Parana	-22,66049957	-53,0848999	
FUPR1033-10	LBP-42792	42792	609	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Parana	-22,66049957	-53,0848999	
FUPR077-09	LBP-17332	17332	612	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR078-09	LBP-17333	17333	696	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR079-09	LBP-17334	17334	699	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Sao Paulo	-23,65579987	-46,83110046	
FUPR080-09	LBP-20198	20198	552	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Sao Paulo	-23,65579987	-46,83110046	
FUPR316-09	LBP-26760	26760	651	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Sao Paulo	-23,65579987	-46,83110046	GU701630
FUPR317-09	LBP-26350	26350	651	Characiformes	Characidae	<i>Metynnis maculatus</i>	Sao Paulo	-23,65579987	-46,83110046	GU701633
FUPR1016-09	LBP-40276	40276	651	Characiformes	Characidae	<i>Mimogoniates microlepis</i>	Minas Gerais	-20,34230042	-46,7867012	GU701928
FUPR1017-09	LBP-40277	40277	651	Characiformes	Characidae	<i>Mimogoniates microlepis</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	GU701929
FUPR1018-09	LBP-40278	40278	651	Characiformes	Characidae	<i>Mimogoniates microlepis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701926
FUPR1019-09	LBP-40279	40279	651	Characiformes	Characidae	<i>Mimogoniates microlepis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701927
FUPR1020-09	LBP-40280	40280	606	Characiformes	Characidae	<i>Mimogoniates microlepis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR220-09	LBP-26001	26001	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994	
FUPR221-09	LBP-26002	26002	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Mato Grosso	-17,84589958	-57,40330124	
FUPR222-09	LBP-26003	26003	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Mato Grosso	-15,91390038	-56,03530121	
FUPR223-09	LBP-26004	26004	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Mato Grosso	-15,91390038	-56,03530121	
FUPR224-09	LBP-26005	26005	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Mato Grosso	-15,91390038	-56,03530121	
FUPR225-09	LBP-22005	22005	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Mato Grosso	-15,98750019	-55,92829895	
FUPR226-09	LBP-22006	22006	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR227-09	LBP-22007	22007	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR228-09	LBP-22008	22008	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR229-09	LBP-22009	22009	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR230-09	LBP-24751	24751	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR231-09	LBP-24752	24752	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR232-09	LBP-24753	24753	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Minas Gerais	-19,68300056	-48,66899872	
FUPR233-09	LBP-24754	24754	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR234-09	LBP-24755	24755	609	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	
FUPR427-09	LBP-17341	17341	648	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701432
FUPR428-09	LBP-17342	17342	648	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	GU701434
FUPR242-09	LBP-20180	20180	786	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia intermedia</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-43,88959885	
FUPR243-09	LBP-20181	20181	603	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia intermedia</i>	Sao Paulo	-23,52400017	-43,88999939	
FUPR426-09	LBP-20179	20179	633	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia forestii</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-43,88959885	
FUPR429-09	LBP-22521	22521	648	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia sanctaefilomenae</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701944
FUPR430-09	LBP-22522	22522	648	Characiformes	Characidae	<i>Moenkhausia sanctaefilomenae</i>	Sao Paulo	-20,74550056	-49,77930069	GU701430
FUPR1217-10	LBP-26117	26117	606	Characiformes	Characidae	<i>Odontostilbe sp.</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	GU701431
FUPR082-09	LBP-18701	18701	714	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	
FUPR083-09	LBP-18702	18702	744	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	
FUPR084-09	LBP-18703	18703	747	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR085-09	LBP-18786	18786	735	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895	
FUPR086-09	LBP-22481	22481	777	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895	
FUPR319-09	LBP-34773	34773	651	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Sao Paulo	-20,40320015	-48,63570023	GU701611
FUPR320-09	LBP-34774	34774	621	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895	GU701610
FUPR321-09	LBP-34775	34775	651	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Goias	-17,09939957	-48,76150131	GU701609

FUPR322-09	LBP-24852	24852	651	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701613
FUPR323-09	LBP-24853	24853	651	Characiformes	Characidae	<i>Oligosarcus paranensis</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701612
FUPR123-09	LBP-23230	23230	714	Characiformes	Characidae	<i>Piabina anhembí</i>	Minas Gerais	-21,29360008	-46,48529816	HM144051
FUPR124-09	LBP-23372	23372	660	Characiformes	Characidae	<i>Piabina anhembí</i>	Minas Gerais	-21,29360008	-46,48529816	HM144050
FUPR125-09	LBP-20821	20821	639	Characiformes	Characidae	<i>Piabina anhembí</i>	Minas Gerais	-21,29360008	-46,48529816	HM144049
FUPR235-09	LBP-23360	23360	747	Characiformes	Characidae	<i>Piabina anhembí</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	HM144048
FUPR236-09	LBP-23373	23373	786	Characiformes	Characidae	<i>Piabina anhembí</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	HM144047
FUPR102-09	LBP-25091	25091	654	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	HM144091
FUPR103-09	LBP-25162	25162	654	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,06669998	-50,11500168	HM144090
FUPR104-09	LBP-25165	25165	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,06669998	-50,11500168	HM144089
FUPR105-09	LBP-25166	25166	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	HM144088
FUPR106-09	LBP-25167	25167	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	HM144087
FUPR107-09	LBP-25219	25219	657	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	HM144086
FUPR108-09	LBP-25410	25410	663	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144085
FUPR109-09	LBP-23220	23220	675	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144084
FUPR110-09	LBP-31605	31605	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144083
FUPR111-09	LBP-31606	31606	690	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144082
FUPR112-09	LBP-31607	31607	705	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144081
FUPR113-09	LBP-31608	31608	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144080
FUPR114-09	LBP-31609	31609	675	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	HM144079
FUPR115-09	LBP-35904	35904	624	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,94120026	-48,58440018	HM144078
FUPR116-09	LBP-35905	35905	669	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,94120026	-48,58440018	HM144077
FUPR117-09	LBP-35906	35906	663	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-23,64170074	-51,85900116	HM144076
FUPR118-09	LBP-35933	35933	681	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,93560028	-48,32080078	HM144075
FUPR119-09	LBP-35934	35934	681	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,93560028	-48,32080078	HM144074
FUPR120-09	LBP-36233	36233	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,78429985	-48,48160172	HM144073
FUPR121-09	LBP-36234	36234	669	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,36860085	-47,47719955	HM144072
FUPR122-09	LBP-36235	36235	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	HM144071
FUPR126-09	LBP-28397	28397	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	HM144070
FUPR127-09	LBP-28394	28394	687	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077	HM144069
FUPR128-09	LBP-28395	28395	561	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077	HM144068
FUPR129-09	LBP-28396	28396	699	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077	HM144067
FUPR130-09	LBP-28397	28397	669	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077	HM144066
FUPR181-09	LBP-34659	34659	672	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-21,57480049	-46,32360077	HM144065
FUPR183-09	LBP-34763	34763	693	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,43309975	-50,06129837	HM144064
FUPR189-09	LBP-22884	22884	675	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,43309975	-50,06129837	HM144063
FUPR190-09	LBP-35848	35848	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,17679977	-49,17250061	HM144062
FUPR191-09	LBP-35849	35849	675	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,17679977	-49,17250061	HM144061
FUPR192-09	LBP-35870	35870	684	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994	HM144060
FUPR193-09	LBP-35871	35871	681	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994	HM144059
FUPR199-09	LBP-29239	29239	765	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,5135994	HM144058
FUPR200-09	LBP-29240	29240	785	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	HM144057
FUPR201-09	LBP-29280	29280	786	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	HM144056
FUPR202-09	LBP-29281	29281	765	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	HM144055
FUPR203-09	LBP-29282	29282	747	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-23,68190002	-51,31520081	HM144054
FUPR237-09	LBP-23222	23222	786	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-23,68190002	-51,31520081	HM144053
FUPR238-09	LBP-25214	25214	786	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Parana	-23,68190002	-51,31520081	HM144052
FUPR062-09	LBP-14154	14154	672	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Goiás	-17,11960003	-48,73989868	HM144107
FUPR087-09	LBP-17227	17227	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Goiás	-17,11960003	-48,73989868	HM144106

FUPR088-09	LBP-17228	17228	672	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Goiás	-17,25600052	-48,50559998	HM144105
FUPR089-09	LBP-17229	17229	663	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Goiás	-17,25600052	-48,50559998	HM144104
FUPR090-09	LBP-20764	20764	669	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	HM144103
FUPR091-09	LBP-21305	21305	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	HM144102
FUPR092-09	LBP-23459	23459	681	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	HM144101
FUPR093-09	LBP-25030	25030	669	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	HM144100
FUPR094-09	LBP-25031	25031	684	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	HM144099
FUPR095-09	LBP-25033	25033	684	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-24,20059967	-48,41839981	HM144098
FUPR096-09	LBP-25155	25155	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-24,20059967	-48,41839981	HM144097
FUPR097-09	LBP-25156	25156	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-24,20059967	-48,41839981	HM144096
FUPR098-09	LBP-25157	25157	678	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-24,20059967	-48,41839981	HM144095
FUPR099-09	LBP-25161	25161	654	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-24,20059967	-48,41839981	HM144094
FUPR100-09	LBP-25049	25049	672	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	HM144093
FUPR101-09	LBP-25050	25050	666	Characiformes	Characidae	<i>Piabina argentea</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	HM144092
FUPR434-09	LBP-23804	23804	636	Characiformes	Characidae	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Sao Paulo	-23,25	-46,96670151	GU701416
FUPR435-09	LBP-23805	23805	636	Characiformes	Characidae	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Sao Paulo	-23,25	-46,96670151	GU701429
FUPR436-09	LBP-23806	23806	636	Characiformes	Characidae	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Sao Paulo	-23,25	-46,96670151	GU701417
FUPR437-09	LBP-23807	23807	636	Characiformes	Characidae	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Sao Paulo	-23,25	-46,96670151	GU701418
FUPR438-09	LBP-23808	23808	636	Characiformes	Characidae	<i>Piaractus mesopotamicus</i>	Sao Paulo	-23,25	-46,96670151	GU701428
FUPR005-09	LBP-17244	17244	699	Characiformes	Characidae	<i>Planaltina britskii</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR006-09	LBP-17245	17245	678	Characiformes	Characidae	<i>Planaltina britskii</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR007-09	LBP-17246	17246	681	Characiformes	Characidae	<i>Planaltina britskii</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR008-09	LBP-17247	17247	684	Characiformes	Characidae	<i>Planaltina britskii</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR014-09	LBP-26407	26407	693	Characiformes	Characidae	<i>Psellogrammus kennedyi</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	
FUPR015-09	LBP-27408	27408	702	Characiformes	Characidae	<i>Psellogrammus kennedyi</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	
FUPR016-09	LBP-31814	31814	696	Characiformes	Characidae	<i>Psellogrammus kennedyi</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	
FUPR017-09	LBP-31815	31815	693	Characiformes	Characidae	<i>Psellogrammus kennedyi</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	
FUPR132-09	LBP-31816	31816	693	Characiformes	Characidae	<i>Psellogrammus kennedyi</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	
FUPR324-09	LBP-21418	21418	588	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Minas Gerais	-21,32909966	-46,50130081	GU701559
FUPR979-09	LBP-40240	40240	651	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	GU701920
FUPR980-09	LBP-40241	40241	651	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	GU701921
FUPR981-09	LBP-40242	40242	651	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	GU701917
FUPR982-09	LBP-40243	40243	651	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701918
FUPR983-09	LBP-40244	40244	651	Characiformes	Characidae	<i>Pseudocorynopoma heterandria</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	GU701918
FUPR1375-10	LBP-42768	42768	651	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701914
FUPR1289-10	LBP-43167	43167	630	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1288-10	LBP-43166	43166	630	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1287-10	LBP-43165	43165	642	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1286-10	LBP-43164	43164	645	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1285-10	LBP-43163	43163	648	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1284-10	LBP-42769	42769	654	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1283-10	LBP-42767	42767	651	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1282-10	LBP-42766	42766	639	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR1281-10	LBP-42765	42765	645	Characiformes	Characidae	<i>Roeboides descalvadensis</i>				
FUPR325-09	LBP-9026	9026	654	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>				GU701884
FUPR326-09	LBP-9028	9028	654	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>				GU701885
FUPR327-09	LBP-9029	9029	651	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>				GU701514
FUPR329-09	LBP-9030	9030	654	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>				GU701886
FUPR330-09	LBP-9031	9031	615	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>				GU701513

FUPR331-09	LBP-9032	9032	651[1n]	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>	Parana	-24,20509911	-52,7983017	GU701517
FUPR332-09	LBP-9033	9033	633	Characiformes	Characidae	<i>Salminus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,8689003	-48,3669014	GU701516
FUPR133-09	LBP-29454	29454	702	Characiformes	Characidae	<i>Salminus hilarii</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	
FUPR134-09	LBP-29456	29456	594	Characiformes	Characidae	<i>Salminus hilarii</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	
FUPR135-09	LBP-29457	29457	693	Characiformes	Characidae	<i>Salminus hilarii</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	
FUPR136-09	LBP-29458	29458	663	Characiformes	Characidae	<i>Salminus hilarii</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	
FUPR444-09	LBP-31991	31991	651	Characiformes	Characidae	<i>Serrapinnus kriegi</i>	Parana	-24,20509911	-52,7983017	HM422471
FUPR137-09	LBP-17249	17249	699	Characiformes	Characidae	<i>Serrapinnus notomelas</i>	Sao Paulo	-22,8689003	-48,3669014	
FUPR138-09	LBP-17250	17250	693	Characiformes	Characidae	<i>Serrapinnus notomelas</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	
FUPR139-09	LBP-19539	19539	690	Characiformes	Characidae	<i>Serrapinnus sp1</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	
FUPR252-09	LBP-26123	26123	723	Characiformes	Characidae	<i>Serrapinnus sp2</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	
FUPR142-09	LBP-20168	20168	684	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Sao Paulo	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR143-09	LBP-20169	20169	684	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059	
FUPR144-09	LBP-20170	20170	678	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Sao Paulo	-22,63979912	-48,05310059	
FUPR368-09	LBP-31914	31914	606	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Parana	-24,20509911	-52,7983017	
FUPR372-09	LBP-26723	26723	651	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Parana	-24,20509911	-52,7983017	GU701512
FUPR373-09	LBP-26724	26724	651	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus maculatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701511
FUPR140-09	LBP-17335	17335	687	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR141-09	LBP-17336	17336	684	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR365-09	LBP-26725	26725	606[1n]	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76211994	
FUPR366-09	LBP-26726	26726	606	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-43,88959885	
FUPR367-09	LBP-26727	26727	651	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-43,88959885	GU701508
FUPR369-09	LBP-31911	31911	657	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-43,88959885	GU701507
FUPR370-09	LBP-31912	31912	657	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701510
FUPR371-09	LBP-31913	31913	657	Characiformes	Characidae	<i>Serrasalminus marginatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701509
FUPR333-09	LBP-15175	15175	651	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	GU701458
FUPR334-09	LBP-15177	15177	651	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	GU701457
FUPR335-09	LBP-15178	15178	651	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	GU701461
FUPR336-09	LBP-15204	15204	606	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	
FUPR337-09	LBP-15205	15205	606	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	
FUPR338-09	LBP-31043	31043	651	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-22,37800026	-47,42699814	GU701945
FUPR339-09	LBP-31046	31046	606	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-23,72800064	-46,81399918	
FUPR340-09	LBP-31049	31049	606	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-23,72800064	-46,81399918	
FUPR341-09	LBP-31050	31050	606	Characiformes	Characidae	<i>Triportheus nematurus</i>	Sao Paulo	-23,72800064	-46,81399918	
FUPR461-09	LBP-31238	31238	645	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium aff. zebra</i>	Sao Paulo	-22,6760006	-45,55899811	GU701971
FUPR462-09	LBP-31162	31162	645	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium aff. zebra</i>	Minas Gerais	-22,70700073	-45,7159996	GU701969
FUPR463-09	LBP-31216	31216	645	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium aff. zebra</i>	Minas Gerais	-22,70700073	-45,7159996	GU701970
FUPR1279-10	LBP-41989	41989	585	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,70700073	-45,7159996	
FUPR1278-10	LBP-41988	41988	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,70700073	-45,7159996	
FUPR208-09	LBP-28408	28408	762[1n]	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,70700073	-45,7159996	
FUPR342-09	LBP-12126	12126	639	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,19400024	-46,37900162	GU701839
FUPR348-09	LBP-10043	10043	606	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,19400024	-46,37900162	
FUPR446-09	LBP-33592	33592	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,19400024	-46,37900162	GU701426
FUPR447-09	LBP-33569	33569	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,19400024	-46,37900162	GU701427
FUPR448-09	LBP-33568	33568	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Minas Gerais	-22,19400024	-46,37900162	GU701424
FUPR449-09	LBP-33607	33607	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Parana	-21,32699966	-47,23899841	GU701425
FUPR450-09	LBP-33572	33572	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium gomesi</i>	Parana	-21,32699966	-47,23899841	GU701422
FUPR456-09	LBP-31207	31207	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium oiticica</i>	Parana	-21,32699966	-47,23899841	GU701448
FUPR457-09	LBP-31212	31212	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium oiticica</i>	Parana	-21,32699966	-47,23899841	GU701449

FUPR458-09	LBP-31213	31213	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium oiticica</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701446
FUPR459-09	LBP-31214	31214	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium oiticica</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701447
FUPR460-09	LBP-31218	31218	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium oiticica</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701445
FUPR451-09	LBP-33512	33512	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium schubarti</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701437
FUPR452-09	LBP-33513	33513	648	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium schubarti</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701442
FUPR453-09	LBP-33526	33526	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium schubarti</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701441
FUPR454-09	LBP-31498	31498	651	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium schubarti</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701439
FUPR455-09	LBP-31492	31492	651	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium schubarti</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	GU701440
FUPR1280-10	LBP-41990	41990	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium sp.</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	
FUPR1277-10	LBP-41982	41982	645	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium sp.</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	
FUPR1276-10	LBP-41981	41981	645	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium sp.</i>	Sao Paulo	-21,93129921	-47,375	
FUPR1275-10	LBP-41975	41975	630	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium sp.</i>	Mato Grosso do Sul	-21,98049927	-53,71440125	
FUPR1274-10	LBP-41974	41974	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium sp.</i>	Mato Grosso do Sul	-21,88419914	-53,75360107	
FUPR343-09	LBP-35890	35890	651	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium xanthopterygum</i>	Mato Grosso do Sul	-21,88419914	-53,75360107	GU701833
FUPR344-09	LBP-34895	34895	633	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium xanthopterygum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,25819969	-53,81069946	GU701836
FUPR345-09	LBP-34896	34896	642	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium xanthopterygum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,23329926	-53,78409958	GU701835
FUPR346-09	LBP-34897	34897	630	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium xanthopterygum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,23329926	-53,78409958	GU701834
FUPR347-09	LBP-34898	34898	630	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium xanthopterygum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04789925	-53,69390106	GU701837
FUPR145-09	LBP-19560	19560	699	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium zebra</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04789925	-53,69390106	
FUPR146-09	LBP-19561	19561	702	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium zebra</i>	Mato Grosso do Sul	-21,89669991	-53,79029846	
FUPR147-09	LBP-19562	19562	690	Characiformes	Crenuchidae	<i>Characidium zebra</i>	Mato Grosso do Sul	-21,89669991	-53,79029846	
FUPR152-09	LBP-25948	25948	687	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Parana	-23,67499924	-52,11899948	
FUPR153-09	LBP-19391	19391	678	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Parana	-23,67469978	-52,11899903	
FUPR154-09	LBP-19392	19392	672	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	
FUPR349-09	LBP-32082	32082	651	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	GU701805
FUPR350-09	LBP-32083	32083	645	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	GU701806
FUPR351-09	LBP-32084	32084	606	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	HM899912
FUPR352-09	LBP-32085	32085	579	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	GU701808
FUPR353-09	LBP-32086	32086	651	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax modestus</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	GU701807
FUPR155-09	LBP-31915	31915	681	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Sao Paulo	-23,51119995	-45,85910034	
FUPR156-09	LBP-31729	31729	675	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR157-09	LBP-31730	31730	666	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR158-09	LBP-31731	31731	669	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,6692009	-53,08470154	
FUPR159-09	LBP-31732	31732	666	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,6692009	-53,08470154	
FUPR160-09	LBP-15935	15935	690	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,6692009	-53,08470154	
FUPR161-09	LBP-15936	15936	702	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax nagelii</i>	Parana	-22,64999962	-53,09199905	
FUPR148-09	LBP-17372	17372	786	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,64990044	-53,09120178	
FUPR149-09	LBP-17373	17373	753	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,64990044	-53,09120178	
FUPR150-09	LBP-22449	22449	747	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR151-09	LBP-22450	22450	753	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR379-09	LBP-37587	37587	651[1n]	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701800
FUPR380-09	LBP-37588	37588	651	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701799
FUPR381-09	LBP-37589	37589	651[1n]	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-24,0781002	-52,29629898	GU701803
FUPR382-09	LBP-37590	37590	636	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-23,67589951	-51,31399918	GU701802
FUPR383-09	LBP-37591	37591	651	Characiformes	Curimatidae	<i>Cyphocharax vanderi</i>	Parana	-23,67589951	-51,31399918	GU701804
FUPR354-09	LBP-32153	32153	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina brevipinna</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701503
FUPR355-09	LBP-32154	32154	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina brevipinna</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701502
FUPR356-09	LBP-32155	32155	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina brevipinna</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701501
FUPR357-09	LBP-32156	32156	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina brevipinna</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	GU701505

FUPR358-09	LBP-32157	32157	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina brevipinna</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	GU701504
FUPR216-09	LBP-26343	26343	666	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina insculpta</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR217-09	LBP-19389	19389	675	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina insculpta</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR218-09	LBP-19390	19390	675	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina insculpta</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR219-09	LBP-32081	32081	693	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina insculpta</i>	Sao Paulo	-22,86910057	-48,36759949	
FUPR359-09	LBP-32158	32158	657	Characiformes	Curimatidae	<i>Steindachnerina insculpta</i>	Sao Paulo	-22,86910057	-48,36759949	GU701506
FUPR384-09	LBP-21832	21832	651	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72209993	-53,28649902	GU701527
FUPR385-09	LBP-21844	21844	651	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701530
FUPR386-09	LBP-21845	21845	651	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701529
FUPR387-09	LBP-22942	22942	651	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701528
FUPR388-09	LBP-22943	22943	606	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Sao Paulo	-22,76339912	-48,26160049	
FUPR389-09	LBP-22944	22944	651	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	GU701532
FUPR390-09	LBP-22945	22945	645	Characiformes	Cynodontidae	<i>Rhaphiodon vulpinus</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	GU701531
FUPR162-09	LBP-24835	24835	705	Characiformes	Erythrinidae	<i>Erythrinus erythrinus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR163-09	LBP-24836	24836	708	Characiformes	Erythrinidae	<i>Erythrinus erythrinus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR164-09	LBP-31955	31955	648	Characiformes	Erythrinidae	<i>Erythrinus erythrinus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR165-09	LBP-31956	31956	702	Characiformes	Erythrinidae	<i>Erythrinus erythrinus</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR166-09	LBP-26700	26700	618	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Sao Paulo	-21,37750053	-47,65919876	
FUPR167-09	LBP-31940	31940	735	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR168-09	LBP-31984	31984	663	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR249-09	LBP-26699	26699	732	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR250-09	LBP-26701	26701	765	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplerethrinus unitaeniatus</i>	Sao Paulo	-22,82769966	-48,37070084	
FUPR209-09	LBP-21846	21846	687	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias intermedius</i>	Sao Paulo	-22,82769966	-48,37070084	
FUPR210-09	LBP-21847	21847	711	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias intermedius</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	
FUPR169-09	LBP-32184	32184	696	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias malabaricus</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	
FUPR170-09	LBP-32185	32185	636	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias malabaricus</i>	Sao Paulo	-23,09630013	-48,25139999	
FUPR171-09	LBP-32186	32186	714	Characiformes	Erythrinidae	<i>Hoplias malabaricus</i>	Sao Paulo	-23,41250038	-49,57089996	
FUPR018-09	LBP-26301	26301	702	Characiformes	Lebiasinidae	<i>Pyrrhulina australis</i>	Parana	-22,6215992	-52,76409912	
FUPR019-09	LBP-26302	26302	702	Characiformes	Lebiasinidae	<i>Pyrrhulina australis</i>	Parana	-23,64170074	-51,85900116	
FUPR020-09	LBP-32189	32189	663	Characiformes	Lebiasinidae	<i>Pyrrhulina australis</i>	Parana	-23,92469978	-50,6242981	
FUPR021-09	LBP-32190	32190	696	Characiformes	Lebiasinidae	<i>Pyrrhulina australis</i>	Parana	-23,92469978	-50,6242981	
FUPR022-09	LBP-32191	32191	672	Characiformes	Lebiasinidae	<i>Pyrrhulina australis</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	
FUPR172-09	LBP-20184	20184	699	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Minas Gerais	-19,38500023	-43,65919876	
FUPR173-09	LBP-20185	20185	693	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Minas Gerais	-19,38500023	-43,65919876	
FUPR174-09	LBP-20186	20186	765	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Minas Gerais	-19,38500023	-43,65919876	
FUPR175-09	LBP-24664	24664	696	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Minas Gerais	-19,38500023	-43,65919876	
FUPR399-09	LBP-26375	26375	606[1n]	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Minas Gerais	-19,38500023	-43,65919876	
FUPR400-09	LBP-26376	26376	606	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Goiás	-17,80139923	-48,37200165	
FUPR401-09	LBP-26377	26377	606	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Goiás	-17,80139923	-48,37200165	
FUPR402-09	LBP-25976	25976	606	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon affinis</i>	Goiás	-17,80139923	-48,37200165	
FUPR246-09	LBP-18631	18631	729	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon ibitiensis</i>	Goiás	-18,11009979	-48,50419998	
FUPR247-09	LBP-18633	18633	729	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon ibitiensis</i>	Goiás	-18,11009979	-48,50419998	
FUPR431-09	LBP-18632	18632	606	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon ibitiensis</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701941
FUPR432-09	LBP-18634	18634	634	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon ibitiensis</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701940
FUPR433-09	LBP-18635	18635	649	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon ibitiensis</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701949
FUPR398-09	LBP-34671	34671	612	Characiformes	Parodontidae	<i>Apareiodon piracicabae</i>	Minas Gerais	-21,73209953	-46,42290115	GU701864
FUPR361-09	LBP-20439	20439	651	Characiformes	Parodontidae	<i>Parodon nasus</i>	Goiás	-15,89309978	-52,25030136	GU701584
FUPR362-09	LBP-20440	29440	651	Characiformes	Parodontidae	<i>Parodon nasus</i>	Goiás	-15,89309978	-52,25030136	GU701588
FUPR363-09	LBP-21804	21804	651	Characiformes	Parodontidae	<i>Parodon nasus</i>	Goiás	-15,89309978	-52,25030136	GU701587

FUPR364-09	LBP-37820	37820	651	Characiformes	Parodontidae	<i>Parodon nasus</i>	Goiás	-15,89309978	-52,25030136	GU701591
FUPR009-09	LBP-26740	26740	702	Characiformes	Prochilodontidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	
FUPR010-09	LBP-26741	26741	702	Characiformes	Prochilodontidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	
FUPR011-09	LBP-29202	29202	696	Characiformes	Prochilodontidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	
FUPR012-09	LBP-31742	31742	666	Characiformes	Prochilodontidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	Minas Gerais	-20,01029968	-43,96900177	
FUPR013-09	LBP-31743	31743	702	Characiformes	Prochilodontidae	<i>Prochilodus lineatus</i>	Minas Gerais	-20,09659958	-44,04249954	
FUPR1032-10	LBP-42005	42005	606[1n]	Clupeiformes	Clupeidae	<i>Platanichthys platana</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR1031-10	LBP-42004	42004	606	Clupeiformes	Clupeidae	<i>Platanichthys platana</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1030-10	LBP-42003	42003	606	Clupeiformes	Clupeidae	<i>Platanichthys platana</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1029-10	LBP-42002	42002	606	Clupeiformes	Clupeidae	<i>Platanichthys platana</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1028-10	LBP-42001	42001	606	Clupeiformes	Clupeidae	<i>Platanichthys platana</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1368-10	LBP-49528	49528	633	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881	
FUPR1367-10	LBP-49527	49527	630	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881	
FUPR1366-10	LBP-49526	49526	618	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881	
FUPR1365-10	LBP-49525	49525	630	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Ctenopharyngodon idella</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	
FUPR1355-10	LBP-45305	45305	645	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Cyprinus carpio</i>	Minas Gerais	-22,61389923	-45,51440048	
FUPR1354-10	LBP-45304	45304	642	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Cyprinus carpio</i>	Minas Gerais	-22,61389923	-45,51440048	
FUPR1353-10	LBP-45303	45303	642	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Cyprinus carpio</i>	Parana	-23,75720024	-51,24890137	
FUPR1352-10	LBP-45302	45302	642	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Cyprinus carpio</i>	Parana	-23,69190025	-51,32540131	
FUPR1351-10	LBP-45301	45301	642	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Cyprinus carpio</i>	Parana	-23,69190025	-51,32540131	
FUPR1374-10	LBP-49537	49537	627	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	
FUPR1373-10	LBP-49536	49536	627	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	
FUPR1372-10	LBP-49535	49535	627	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys molitrix</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	
FUPR1371-10	LBP-49532	49532	633	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	
FUPR1370-10	LBP-49531	49531	630	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	
FUPR1369-10	LBP-49530	49530	630	Cypriniformes	Cyprinidae	<i>Hypophthalmichthys nobilis</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	
FUPR946-09	LBP-26439	26439	648	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Pamphorichthys hollandi</i>	Sao Paulo	-27,63209915	-48,17509842	GU701604
FUPR947-09	LBP-26440	26440	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Pamphorichthys hollandi</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701603
FUPR948-09	LBP-26441	26441	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Pamphorichthys hollandi</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701602
FUPR949-09	LBP-26442	26442	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Pamphorichthys hollandi</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701606
FUPR950-09	LBP-32102	32102	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Pamphorichthys hollandi</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701605
FUPR1325-10	LBP-44760	44760	642	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR1324-10	LBP-44759	44759	639	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR1310-10	LBP-44589	44589	582	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR1296-10	LBP-44523	44523	636	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR938-09	LBP-37497	37497	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701581
FUPR939-09	LBP-37498	37498	648	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701580
FUPR951-09	LBP-29755	29755	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701579
FUPR952-09	LBP-29983	29983	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701583
FUPR953-09	LBP-29984	29984	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-21,06669998	-50,11500168	GU701582
FUPR954-09	LBP-29985	29985	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-17,09939957	-48,76150131	GU701586
FUPR955-09	LBP-37500	37500	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros harpagos</i>	Sao Paulo	-17,09939957	-48,76150131	GU701585
FUPR1292-10	LBP-43526	43526	648	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros reisi</i>	Sao Paulo	-17,09939957	-48,76150131	
FUPR989-09	LBP-40245	40245	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Phalloceros reisi</i>	Sao Paulo	-22,36420059	-47,51359994	GU701910
FUPR1304-10	LBP-44561	44561	627	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1303-10	LBP-44560	44560	621	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR1302-10	LBP-44559	44559	633	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i>	Sao Paulo	-22,90369987	-49,98339844	
FUPR1271-10	LBP-40035	40035	639	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia reticulata</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	
FUPR990-09	LBP-40246	40246	651	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia vivipara</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701911

FUPR991-09	LBP-40465	40465	657	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia vivipara</i>	Sao Paulo	-22,57180023	-53,04800034	GU701907
FUPR992-09	LBP-40466	40466	648	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia vivipara</i>	Sao Paulo	-22,57180023	-53,04800034	GU701908
FUPR993-09	LBP-40467	40467	516	Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia vivipara</i>	Sao Paulo	-22,57180023	-53,04800034	GU701904
FUPR936-09	LBP-31953	31953	657	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus aplamici</i>				GU701519
FUPR937-09	LBP-31954	31954	657	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus aplamici</i>				GU701518
FUPR930-09	LBP-36309	36309	633	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701515
FUPR1021-09	LBP-40281	40281	651	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701924
FUPR1022-09	LBP-40282	40282	651	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701925
FUPR1023-09	LBP-40283	40283	651	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701922
FUPR1024-09	LBP-40284	40284	651	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701923
FUPR1025-09	LBP-40285	40285	651	Cyprinodontiformes	Rivulidae	<i>Rivulus santensis</i>				GU701919
FUPR881-09	LBP-34744	34744	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Parana	-23,65600014	-51,24300003	GU701781
FUPR889-09	LBP-31930	31930	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Parana	-23,68199921	-51,31499863	GU701765
FUPR900-09	LBP-31931	31931	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Parana	-23,46800041	-51,31499863	GU701764
FUPR903-09	LBP-26331	26331	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Parana	-23,46800041	-51,31499863	GU701766
FUPR904-09	LBP-25850	25850	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Sao Paulo	-22,98999977	-48,42699814	GU701760
FUPR908-09	LBP-31794	31794	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus inaequilabiatus</i>	Sao Paulo	-22,98999977	-48,42699814	GU701761
FUPR889-09	LBP-34742	34742	600	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Sao Paulo	-22,98999977	-48,42699814	GU701775
FUPR890-09	LBP-34743	34743	642	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Sao Paulo	-22,98999977	-48,42699814	GU701774
FUPR891-09	LBP-31927	31927	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Sao Paulo	-22,98999977	-48,42699814	GU701773
FUPR892-09	LBP-31928	31928	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Minas Gerais	-21,14900017	-43,40000153	GU701777
FUPR893-09	LBP-31929	31929	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Parana	-24,10400009	-52,32500076	GU701776
FUPR901-09	LBP-31932	31932	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantanal</i>	Parana	-24,10400009	-52,32500076	GU701763
FUPR894-09	LBP-19571	19571	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantherinus</i>	Minas Gerais	-21,37100029	-46,54299927	GU701770
FUPR895-09	LBP-22560	22560	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantherinus</i>	Minas Gerais	-21,37100029	-46,54299927	GU701769
FUPR896-09	LBP-22561	22561	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantherinus</i>	Minas Gerais	-21,36199951	-46,57699966	GU701768
FUPR897-09	LBP-22562	22562	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantherinus</i>	Minas Gerais	-21,29400063	-46,48500061	GU701772
FUPR898-09	LBP-24532	24532	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus pantherinus</i>	Minas Gerais	-21,29400063	-46,48500061	GU701771
FUPR885-09	LBP-31959	31959	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sp.</i>	Minas Gerais	-20,95599937	-43,76300049	HM376402
FUPR882-09	LBP-9823	9823	588	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-20,95599937	-43,76300049	GU701780
FUPR883-09	LBP-8831	8831	633	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-20,95599937	-43,76300049	GU701782
FUPR884-09	LBP-31958	31958	645	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-20,64900017	-46,16500092	GU701779
FUPR886-09	LBP-27380	27380	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-20,64900017	-46,16500092	GU701778
FUPR887-09	LBP-27381	27381	622	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-21,27400017	-43,64400101	
FUPR888-09	LBP-27382	27382	622	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-21,27400017	-43,64400101	
FUPR902-09	LBP-31933	31933	657	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-21,27400017	-43,64400101	GU701767
FUPR905-09	LBP-25851	25851	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-22,76399994	-45,97600174	GU701759
FUPR906-09	LBP-25852	25852	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-22,76899991	-45,99000168	GU701758
FUPR907-09	LBP-25853	25853	651	Gymnotiformes	Gymnotidae	<i>Gymnotus sylvius</i>	Minas Gerais	-22,76899991	-45,99000168	GU701762
FUPR909-09	LBP-32353	32353	651	Gymnotiformes	Hypopomidae	<i>Brachyhypopomus pinnicaudatus</i>	Sao Paulo	-22,94140053	-48,58420181	GU701847
FUPR910-09	LBP-32354	32354	636	Gymnotiformes	Hypopomidae	<i>Brachyhypopomus pinnicaudatus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	GU701849
FUPR911-09	LBP-32355	32355	651	Gymnotiformes	Hypopomidae	<i>Brachyhypopomus pinnicaudatus</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701848
FUPR912-09	LBP-32096	32096	645	Gymnotiformes	Hypopomidae	<i>Brachyhypopomus pinnicaudatus</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701852
FUPR913-09	LBP-32097	32097	651	Gymnotiformes	Hypopomidae	<i>Brachyhypopomus pinnicaudatus</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701851
FUPR1363-10	LBP-45899	45899	654	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys sp.</i>	Sao Paulo	-23,53000069	-45,79800034	
FUPR1362-10	LBP-45898	45898	651	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys sp.</i>	Sao Paulo	-23,53000069	-45,79800034	
FUPR1350-10	LBP-44992	44992	642	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Parana	-23,67469978	-52,11890003	
FUPR964-09	LBP-19738	19738	651	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Sao Paulo	-22,38439941	-47,64419937	GU701535
FUPR965-09	LBP-19739	19739	651	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031	GU701534

FUPR956-09	LBP-19740	19740	651	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031	GU701533
FUPR967-09	LBP-19226	19226	606	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031	
FUPR968-09	LBP-19227	19227	633	Gymnotiformes	Rhamphichthyidae	<i>Rhamphichthys hahni</i>	Mato Grosso	-16,11829948	-57,74250031	HM899914
FUPR914-09	LBP-24743	24743	633	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia trilineata</i>	Minas Gerais	-21,36359978	-46,47689819	GU701795
FUPR915-09	LBP-24744	24744	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia trilineata</i>	Minas Gerais	-21,36359978	-46,47689819	GU701794
FUPR916-09	LBP-24745	24745	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia trilineata</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701798
FUPR917-09	LBP-24746	24746	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia trilineata</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701797
FUPR918-09	LBP-24747	24747	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia trilineata</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701801
FUPR919-09	LBP-17142	17142	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia virescens</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701791
FUPR921-09	LBP-17144	17144	630	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia virescens</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701793
FUPR922-09	LBP-17145	17145	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia virescens</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701792
FUPR924-09	LBP-17147	17147	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Eigenmannia virescens</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701796
FUPR940-09	LBP-17270	17270	579	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Sao Paulo	-22,86910057	-48,36759949	
FUPR941-09	LBP-17271	17271	615	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	
FUPR942-09	LBP-17272	17272	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701495
FUPR943-09	LBP-17273	17273	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701499
FUPR944-09	LBP-17274	17274	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701498
FUPR945-09	LBP-19229	19229	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701500
FUPR1004-09	LBP-40269	40269	615	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	
FUPR1005-09	LBP-40270	40270	651	Gymnotiformes	Sternopygidae	<i>Sternopygus macrurus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701939
FUPR1358-10	LBP-45694	45694	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Minas Gerais	-21,28520012	-46,49330139	
FUPR969-09	LBP-26679	26679	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701855
FUPR970-09	LBP-26680	26680	516	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701859
FUPR971-09	LBP-26681	26681	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885	GU701858
FUPR972-09	LBP-26682	26682	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885	GU701861
FUPR973-09	LBP-26683	26683	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885	GU701860
FUPR974-09	LBP-26684	26684	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Astronotus crassipinnis</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885	GU701862
FUPR1290-10	LBP-43486	43486	645	Perciformes	Cichlidae	<i>Australoheros facetus</i>	Sao Paulo	-23,02389908	-48,82569885	
FUPR1225-10	LBP-26693	26693	636	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla kelberi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1224-10	LBP-26692	26692	618	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla kelberi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1227-10	LBP-26696	26696	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla monoculus</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	
FUPR1226-10	LBP-26695	26695	669	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla monoculus</i>	Mato Grosso do Sul	-19,24570084	-52,65299988	
FUPR1211-10	LBP-20149	20149	570	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla piquiti</i>	Mato Grosso do Sul	-19,23080063	-52,98559952	
FUPR1247-10	LBP-32030	32030	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichla sp.</i>	Goiás	-18,26119995	-52,88339996	
FUPR1251-10	LBP-32210	32210	612	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichlasoma paranaense</i>	Goiás	-18,26119995	-52,88339996	
FUPR1244-10	LBP-31796	31796	639	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichlasoma paranaense</i>	Goiás	-18,26119995	-52,88339996	
FUPR1243-10	LBP-31795	31795	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichlasoma paranaense</i>	Goiás	-18,5807991	-52,09799957	
FUPR1234-10	LBP-29783	29783	639	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichlasoma paranaense</i>	Goiás	-18,5807991	-52,09799957	
FUPR1216-10	LBP-25907	25907	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Cichlasoma paranaense</i>	Goiás	-18,27140045	-52,84289932	
FUPR1262-10	LBP-37243	37243	507	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Sao Paulo	-18,56889915	-52,08560181	
FUPR1246-10	LBP-31941	31941	636	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,56889915	-52,08560181	
FUPR1245-10	LBP-31906	31906	627	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,56889915	-52,08560181	
FUPR1242-10	LBP-31751	31751	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,56889915	-52,08560181	
FUPR1223-10	LBP-26405	26405	633	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,27140045	-52,84289932	
FUPR1222-10	LBP-26402	26402	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,27140045	-52,84289932	
FUPR1006-09	LBP-40271	40271	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,27140045	-52,84289932	GU701937
FUPR1007-09	LBP-40272	40272	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Goiás	-18,27140045	-52,84289932	GU701938
FUPR1008-09	LBP-40273	40273	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881	GU701934
FUPR1010-09	LBP-40275	40275	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla britskii</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881	GU701935

FUPR1241-10	LBP-31750	31750	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla haraldoi</i>	Sao Paulo	-22,43090057	-47,69670105
FUPR1263-10	LBP-37244	37244	579	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla sp1</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881
FUPR1009-09	LBP-40274	40274	606	Perciformes	Cichlidae	<i>Crenicichla sp2</i>	Sao Paulo	-22,3784008	-47,21049881
FUPR1273-10	LBP-40180	40180	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1272-10	LBP-40176	40176	627	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1259-10	LBP-34676	34676	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1258-10	LBP-34675	34675	633	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902
FUPR1231-10	LBP-28090	28090	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902
FUPR1230-10	LBP-28089	28089	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,16749954
FUPR931-09	LBP-37219	37219	606	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus proximus</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,16749954
FUPR932-09	LBP-37220	37220	591[1n]	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus proximus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR933-09	LBP-37221	37221	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus proximus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR934-09	LBP-37222	37222	651	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus proximus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR935-09	LBP-37223	37223	585[1n]	Perciformes	Cichlidae	<i>Geophagus proximus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR1252-10	LBP-32211	32211	543	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-22,7859993	-45,6882019
FUPR1249-10	LBP-32099	32099	627	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1248-10	LBP-32098	32098	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1215-10	LBP-25861	25861	573	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-22,63209915	-48,17509842
FUPR1214-10	LBP-24779	24779	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-22,36860085	-47,47719955
FUPR1213-10	LBP-24778	24778	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112
FUPR1205-10	LBP-19753	19753	633	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR1204-10	LBP-19752	19752	645	Perciformes	Cichlidae	<i>Laetacara sp.</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR1361-10	LBP-45740	45740	636	Perciformes	Cichlidae	<i>Oreochromis niloticus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR1250-10	LBP-32101	32101	669	Perciformes	Cichlidae	<i>Satanoperca pappaterra</i>			
FUPR1229-10	LBP-26750	26750	669	Perciformes	Cichlidae	<i>Satanoperca pappaterra</i>			
FUPR1329-10	LBP-44776	44776	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Sao Paulo	-23,77129936	-46,76570129
FUPR1328-10	LBP-44775	44775	639	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875
FUPR1327-10	LBP-44774	44774	636	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875
FUPR1298-10	LBP-44542	44542	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-21,24559975	-48,29729843
FUPR1297-10	LBP-44541	44541	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-21,24559975	-48,29729843
FUPR1239-10	LBP-29972	29972	630	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-21,24559975	-48,29729843
FUPR1236-10	LBP-29858	29858	642	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-21,24559975	-48,29729843
FUPR1235-10	LBP-29857	29857	603	Perciformes	Cichlidae	<i>Tilapia rendalli</i>	Parana	-21,24559975	-48,29729843
FUPR925-09	LBP-26731	26731	657	Perciformes	Sciaenidae	<i>Plagioscion squamosissimus</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875
FUPR926-09	LBP-26732	26732	606	Perciformes	Sciaenidae	<i>Plagioscion squamosissimus</i>	Minas Gerais	-21,29039955	-46,49509811
FUPR927-09	LBP-20157	20157	606	Perciformes	Sciaenidae	<i>Plagioscion squamosissimus</i>	Minas Gerais	-21,28499885	-46,49330139
FUPR928-09	LBP-20158	20158	654	Perciformes	Sciaenidae	<i>Plagioscion squamosissimus</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851
FUPR929-09	LBP-20159	20159	651	Perciformes	Sciaenidae	<i>Plagioscion squamosissimus</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875
FUPR1201-10	LBP-9866	9866	609	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Espirito Santo	-20,40800095	-40,91500092
FUPR1200-10	LBP-9863	9863	615	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Espirito Santo	-20,40800095	-40,91500092
FUPR1199-10	LBP-9861	9861	612	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Espirito Santo	-20,40800095	-40,91500092
FUPR1198-10	LBP-9860	9860	630	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,45100021	-49,24100113
FUPR1197-10	LBP-9859	9859	606	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,45100021	-49,24100113
FUPR1196-10	LBP-9858	9858	630	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,45100021	-49,24100113
FUPR1195-10	LBP-9854	9854	597	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,45100021	-49,24100113
FUPR1194-10	LBP-9850	9850	615	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,45100021	-49,24100113
FUPR1193-10	LBP-9849	9849	609	Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Catathyridium jenynsii</i>	Sao Paulo	-22,65500069	-44,57899857
FUPR267-09	LBP-23266	23266	633	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon falkneri</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875
FUPR268-09	LBP-23269	23269	663	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon falkneri</i>	Sao Paulo	-23,02429962	-48,8280983

FUPR269-09	LBP-23279	23279	702	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon falkneri</i>	Sao Paulo	-23,02429962	-48,8280983
FUPR270-09	LBP-23292	23292	660	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon falkneri</i>	Sao Paulo	-22,74720001	-48,47489929
FUPR253-09	LBP-36951	36951	618	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Sao Paulo	-22,74720001	-48,47489929
FUPR254-09	LBP-36952	36952	633	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Sao Paulo	-22,74720001	-48,47489929
FUPR255-09	LBP-36953	36953	624	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Parana	-23,67469978	-52,1189003
FUPR256-09	LBP-36955	36955	672	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Parana	-23,67469978	-52,1189003
FUPR257-09	LBP-36961	36961	594	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Parana	-23,67469978	-52,1189003
FUPR258-09	LBP-36967	36967	657	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Sao Paulo	-22,90399933	-49,98300171
FUPR259-09	LBP-36971	36971	684	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,73889923	-48,4742012
FUPR260-09	LBP-36978	36978	624	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,73889923	-48,4742012
FUPR261-09	LBP-36980	36980	687	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,73889923	-48,4742012
FUPR262-09	LBP-36981	36981	630	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,73889923	-48,4742012
FUPR263-09	LBP-36973	36973	645	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,73889923	-48,4742012
FUPR264-09	LBP-36977	36977	579	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131
FUPR265-09	LBP-36979	36979	654	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131
FUPR266-09	LBP-36986	36986	633	Rajiformes	Potamotrygonidae	<i>Potamotrygon motoro</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131
FUPR754-09	LBP-21932	21932	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus osteomystax</i>	Sao Paulo	-23,5237999	-45,88959885
FUPR755-09	LBP-21933	21933	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus osteomystax</i>	Sao Paulo	-22,91670036	-48,5
FUPR756-09	LBP-36606	36606	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus osteomystax</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999
FUPR757-09	LBP-36607	36607	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus osteomystax</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999
FUPR758-09	LBP-36618	36618	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus osteomystax</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999
FUPR514-09	LBP-34797	34797	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Tatia neivai</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885
FUPR1364-10	LBP-45956	45956	642	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Minas Gerais	-22,44890022	-45,34640121
FUPR1349-10	LBP-44984	44984	624	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Minas Gerais	-22,44890022	-45,34640121
FUPR1348-10	LBP-44983	44983	642	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR1347-10	LBP-44982	44982	645	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR509-09	LBP-17298	17298	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-21,97450066	-47,41820145
FUPR510-09	LBP-17299	17299	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR511-09	LBP-17300	17300	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037
FUPR512-09	LBP-26663	26663	636	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,7220993	-53,28649902
FUPR513-09	LBP-26664	26664	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR772-09	LBP-21934	21934	651	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR773-09	LBP-21935	21935	639	Siluriformes	Auchenipteridae	<i>Trachelyopterus galeatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957
FUPR271-09	LBP-10916	10916	684	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Aspidoras fuscoguttatus</i>	Minas Gerais	-21,32110023	-46,51129913
FUPR272-09	LBP-17398	17398	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Aspidoras fuscoguttatus</i>	Minas Gerais	-21,28520012	-46,49330139
FUPR273-09	LBP-17399	17399	699	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Aspidoras fuscoguttatus</i>	Minas Gerais	-21,28520012	-46,49330139
FUPR274-09	LBP-32362	32362	705	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Callichthys callichthys</i>	Minas Gerais	-17,49099922	-48,36999893
FUPR275-09	LBP-32363	32363	699	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Callichthys callichthys</i>	Minas Gerais	-17,49099922	-48,36999893
FUPR276-09	LBP-32364	32364	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Callichthys callichthys</i>	Espirito Santo	-20,40800095	-40,91500092
FUPR277-09	LBP-24837	24837	699	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954
FUPR278-09	LBP-24838	24838	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954
FUPR279-09	LBP-31943	31943	705	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i>	Goiás	-15,66730022	-47,95240021
FUPR280-09	LBP-31944	31944	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i>	Goiás	-15,66730022	-47,95240021
FUPR281-09	LBP-31945	31945	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras aeneus</i>	Goiás	-15,66730022	-47,95240021
FUPR794-09	LBP-4624	4624	447	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras affluviatilis</i>	Goiás	-15,66730022	-47,95240021
FUPR1011-09	LBP-40007	40007	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras affluviatilis</i>	Distrito Federal	-15,58170033	-47,50640106
FUPR1012-09	LBP-40008	40008	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras affluviatilis</i>	Distrito Federal	-15,58199978	-47,50600052
FUPR1013-09	LBP-40009	40009	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras affluviatilis</i>	Distrito Federal	-15,58170033	-47,50640106
FUPR1014-09	LBP-40010	40010	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras affluviatilis</i>	Distrito Federal	-15,58170033	-47,50640106

FUPR1015-09	LBP-40011	40011	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras diffluvialis</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701931
FUPR515-09	LBP-32755	32755	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701814
FUPR516-09	LBP-32756	32756	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701816
FUPR517-09	LBP-32757	32757	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701815
FUPR816-09	LBP-36124	36124	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701819
FUPR817-09	LBP-36126	36126	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,71689987	-47,86569977	GU701818
FUPR818-09	LBP-36128	36128	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras eharadti</i>	Distrito Federal	-15,74860001	-47,82089996	GU701817
FUPR282-09	LBP-17225	17225	699	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras flaveolus</i>	Distrito Federal	-15,74860001	-47,82089996	
FUPR283-09	LBP-17226	17226	687	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras flaveolus</i>	Distrito Federal	-15,73690033	-47,9151001	
FUPR284-09	LBP-21756	21756	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras flaveolus</i>	Distrito Federal	-15,73690033	-47,9151001	
FUPR806-09	LBP-21755	21755	648	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras flaveolus</i>	Distrito Federal	-15,73690033	-47,9151001	GU701955
FUPR285-09	LBP-32330	32330	681	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras nattereri</i>	Distrito Federal	-15,73690033	-47,9151001	
FUPR286-09	LBP-32331	32331	684	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras nattereri</i>	Sao Paulo	-23,55550003	-46,04069901	
FUPR287-09	LBP-32332	32332	591	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras nattereri</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	
FUPR288-09	LBP-32333	32333	693	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras nattereri</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	
FUPR289-09	LBP-32334	32334	681	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras nattereri</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	
FUPR819-09	LBP-36114	36114	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701809
FUPR820-09	LBP-36116	36116	654	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701871
FUPR821-09	LBP-36117	36117	582	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701871
FUPR822-09	LBP-36119	36119	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701810
FUPR823-09	LBP-36121	36121	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701813
FUPR824-09	LBP-36122	36122	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Corydoras paleatus</i>	Sao Paulo	-22,86260033	-48,10580063	GU701812
FUPR291-09	LBP-15162	15162	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Hoplosternum littorale</i>	Sao Paulo	-23,13360023	-49,67620087	
FUPR292-09	LBP-15165	15165	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Hoplosternum littorale</i>	Sao Paulo	-23,13360023	-49,67620087	
FUPR293-09	LBP-15166	15166	702	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Hoplosternum littorale</i>	Sao Paulo	-23,13360023	-49,67620087	
FUPR294-09	LBP-25928	25928	699	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Hoplosternum littorale</i>	Sao Paulo	-19,74169922	-57,05080032	
FUPR295-09	LBP-26094	26094	696	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Lepthoplosternum pectorale</i>	Minas Gerais	-19,6154995	-47,44979858	
FUPR518-09	LBP-26425	26425	645	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Lepthoplosternum pectorale</i>	Sao Paulo	-22,9666996	-48,40000153	GU701639
FUPR519-09	LBP-17678	17678	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Lepthoplosternum pectorale</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701968
FUPR520-09	LBP-17680	17680	651	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Lepthoplosternum pectorale</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701967
FUPR522-09	LBP-17673	17673	654	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Megalechis thoracata</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701890
FUPR523-09	LBP-17679	17679	645	Siluriformes	Callichthyidae	<i>Megalechis thoracata</i>	Parana	-22,66049957	-53,0848999	GU701965
FUPR1265-10	LBP-38283	38283	639	Cetopsidae	Cetopsidae	<i>Cetopsis gobioides</i>	Sao Paulo	-22,65500069	-44,57899857	HM376394
FUPR524-09	LBP-33195	33195	633	Siluriformes	Cetopsidae	<i>Cetopsis gobioides</i>	Sao Paulo	-22,65500069	-44,57899857	
FUPR532-09	LBP-31862	32862	651	Siluriformes	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i>	Mato Grosso do Sul	-18,40600014	-48,07899857	GU701827
FUPR533-09	LBP-31863	31863	657	Siluriformes	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i>	Goiás	-15,74699974	-47,95050049	GU701826
FUPR534-09	LBP-31864	31864	651	Siluriformes	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i>	Goiás	-15,72550011	-47,94020081	GU701825
FUPR535-09	LBP-31865	31865	651	Siluriformes	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i>	Goiás	-15,73490047	-47,93289948	GU701829
FUPR536-09	LBP-31866	31866	651	Siluriformes	Clariidae	<i>Clarias gariepinus</i>	Goiás	-15,73550034	-47,91859818	GU701828
FUPR525-09	LBP-26764	26764	633	Siluriformes	Doradidae	<i>Pterodoras granulosus</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701552
FUPR526-09	LBP-19259	19259	606	Siluriformes	Doradidae	<i>Pterodoras granulosus</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	
FUPR527-09	LBP-19261	19261	606	Siluriformes	Doradidae	<i>Pterodoras granulosus</i>	Sao Paulo	-20,78890038	-48,32970047	
FUPR528-09	LBP-19258	19258	606	Siluriformes	Doradidae	<i>Pterodoras granulosus</i>	Sao Paulo	-20,78890038	-48,32970047	
FUPR529-09	LBP-19260	19260	654	Siluriformes	Doradidae	<i>Pterodoras granulosus</i>	Sao Paulo	-21,87660027	-47,41180038	GU701898
FUPR530-09	LBP-17032	17032	651	Siluriformes	Doradidae	<i>Rhinodoras darbignyi</i>	Sao Paulo	-21,87660027	-47,41180038	HM376395
FUPR531-09	LBP-10334	10334	606	Siluriformes	Doradidae	<i>Rhinodoras darbignyi</i>				
FUPR797-09	LBP-26253	26253	588	Siluriformes	Doradidae	<i>Trachydoras paraguayensis</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701480
FUPR798-09	LBP-26254	26254	651	Siluriformes	Doradidae	<i>Trachydoras paraguayensis</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701483
FUPR799-09	LBP-26255	26255	651	Siluriformes	Doradidae	<i>Trachydoras paraguayensis</i>	Parana	-23,9545002	-51,11410141	GU701482

FUPR800-09	LBP-26256	26256	639	Siluriformes	Doradidae	<i>Trachydoras paraguayensis</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701481
FUPR464-09	LBP-37805	37805	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	Minas Gerais	-21,24699974	-43,56900024	GU701838
FUPR465-09	LBP-37806	37806	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	Sao Paulo	-22,7670002	-45,45000076	GU701841
FUPR466-09	LBP-37807	37807	654	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	Minas Gerais	-22,61400032	-45,51399994	GU701876
FUPR467-09	LBP-21315	21315	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	Sao Paulo	-22,6760006	-45,55899811	GU701840
FUPR468-09	LBP-21316	21316	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Cetopsorhamdia iheringi</i>	Sao Paulo	-22,6760006	-45,55899811	GU701842
FUPR469-09	LBP-29946	29946	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Chasmocranus brachynema</i>	Mato Grosso do Sul	-21,89669991	-53,79029846	GU701832
FUPR470-09	LBP-29947	29947	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Chasmocranus brachynema</i>	Mato Grosso do Sul	-21,89669991	-53,79029846	GU701831
FUPR471-09	LBP-29948	29948	654	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Chasmocranus brachynema</i>	Mato Grosso do Sul	-21,89669991	-53,79029846	GU701897
FUPR472-09	LBP-29949	29949	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Chasmocranus brachynema</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	GU701830
FUPR1309-10	LBP-44587	44587	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Chasmocranus sp.</i>	Mato Grosso do Sul	-22,04380035	-53,72740173	GU701751
FUPR791-09	LBP-37224	37224	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Heptapterus multiradiatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701750
FUPR792-09	LBP-37225	37225	636	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Heptapterus multiradiatus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701750
FUPR1257-10	LBP-32345	32345	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	GU701653
FUPR1256-10	LBP-32344	32344	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	GU701652
FUPR1255-10	LBP-32343	32343	639	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Sao Paulo	-21,97450066	-47,41820145	GU701656
FUPR1254-10	LBP-32342	32342	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701655
FUPR1253-10	LBP-32341	32341	627	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701654
FUPR1212-10	LBP-21428	21428	639	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Sao Paulo	-21,62400055	-47,80599976	GU701538
FUPR478-09	LBP-22575	22575	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis mirini</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701658
FUPR473-09	LBP-35478	35478	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701653
FUPR474-09	LBP-35479	35479	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701652
FUPR475-09	LBP-35480	35480	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701656
FUPR476-09	LBP-35481	35481	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701655
FUPR477-09	LBP-35482	35482	615	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701654
FUPR479-09	LBP-26417	26417	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701649
FUPR775-09	LBP-34203	34203	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701538
FUPR776-09	LBP-34204	34204	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Imparfinis schubarti</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701542
FUPR480-09	LBP-35803	35803	495	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	GU701577
FUPR481-09	LBP-35804	35804	660	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i>	Parana	-23,30310059	-52,03170013	GU701576
FUPR482-09	LBP-32265	32265	654	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i>	Parana	-23,30310059	-52,03170013	GU701889
FUPR483-09	LBP-32266	32266	654	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i>	Minas Gerais	-21,36129951	-46,55630112	GU701887
FUPR484-09	LBP-32267	32267	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Phenacorhamdia tenebrosa</i>	Minas Gerais	-21,36129951	-46,55630112	GU701578
FUPR486-09	LBP-31967	31967	654	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella avanhandavae</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701573
FUPR487-09	LBP-31968	31968	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella avanhandavae</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701572
FUPR488-09	LBP-31969	31969	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella avanhandavae</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701575
FUPR489-09	LBP-31970	31970	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella avanhandavae</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701574
FUPR1192-10	LBP-9134	9134	606	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella meeki</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701573
FUPR1191-10	LBP-9133	9133	609	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella meeki</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701572
FUPR1190-10	LBP-9132	9132	606	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella meeki</i>	Sao Paulo	-23,23060036	-48,53279877	GU701575
FUPR1189-10	LBP-9131	9131	630	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella meeki</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895	GU701574
FUPR1188-10	LBP-9130	9130	636	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella meeki</i>	Sao Paulo	-20,23620033	-48,67829895	GU701573
FUPR485-09	LBP-37213	37213	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Pimelodella sp1</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	HM376392
FUPR774-09	LBP-11231	11231	606	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdella longipinnis</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	GU701541
FUPR777-09	LBP-35805	35805	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdia quelen</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	GU701544
FUPR778-09	LBP-35806	35806	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdia quelen</i>	Parana	-25,31909943	-52,48870087	GU701544
FUPR779-09	LBP-35807	35807	651	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdia quelen</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701543
FUPR490-09	LBP-29183	29183	606	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdiopsis microcephala</i>	Parana	-23,73150063	-52,73720169	GU701537
FUPR491-09	LBP-29184	29184	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdiopsis microcephala</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701537

FUPR492-09	LB-29185	29185	642	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdiopsis microcephala</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701536
FUPR493-09	LB-29186	29186	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdiopsis microcephala</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701540
FUPR494-09	LB-29187	29187	657	Siluriformes	Heptapteridae	<i>Rhamdiopsis microcephala</i>	Parana	-23,67469978	-52,1189003	GU701539
FUPR780-09	LB-35959	35959	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Ancistrus cirrhosus</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701863
FUPR782-09	LB-35987	35987	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Ancistrus cirrhosus</i>	Sao Paulo	-22,34090042	-48,93470001	GU701865
FUPR787-09	LB-34759	34759	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Ancistrus cirrhosus</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	
FUPR1341-10	LB-44934	44934	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia britskii</i>	Goiás	-15,73550034	-47,91859818	
FUPR1340-10	LB-44923	44923	666	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia britskii</i>	Goiás	-15,73550034	-47,91859818	
FUPR495-09	LB-18714	18714	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia cuestasae</i>	Goiás	-15,73550034	-47,91859818	GU701820
FUPR496-09	LB-18715	18715	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia cuestasae</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954	GU701822
FUPR497-09	LB-18716	18716	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia cuestasae</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954	GU701821
FUPR498-09	LB-18717	18717	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia cuestasae</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954	GU701824
FUPR499-09	LB-18718	18718	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Corumbataia cuestasae</i>	Goiás	-15,7269001	-47,91889954	GU701823
FUPR1346-10	LB-44976	44976	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	
FUPR1345-10	LB-44975	44975	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Sao Paulo	-20,23609924	-48,67829895	
FUPR500-09	LB-26397	26397	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Sao Paulo	-21,62409973	-47,80630112	GU701788
FUPR501-09	LB-26398	26398	618	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,71719933	-53,31779861	GU701787
FUPR502-09	LB-26399	26399	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Mato Grosso do Sul	-22,71719933	-53,31779861	GU701790
FUPR503-09	LB-26400	26400	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	GU701789
FUPR504-09	LB-26401	26401	594	Siluriformes	Loricariidae	<i>Farlowella amazonum</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701894
FUPR290-09	LB-29820	29820	528	Siluriformes	Loricariidae	<i>Harttia gracilis</i>	Minas Gerais	-22,7689991	-45,99000168	
FUPR506-09	LB-29821	29821	654	Siluriformes	Loricariidae	<i>Harttia gracilis</i>	Minas Gerais	-22,7689991	-45,99000168	GU701899
FUPR507-09	LB-29822	29822	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Harttia gracilis</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76200104	GU701757
FUPR508-09	LB-29823	29823	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Harttia gracilis</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76200104	GU701756
FUPR537-09	LB-29838	29838	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Harttia gracilis</i>	Sao Paulo	-23,52700043	-45,76200104	GU701755
FUPR550-09	LB-34980	34980	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus francirochai</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR551-09	LB-34981	34981	426	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus francirochai</i>	Parana	-22,64789963	-53,07860184	
FUPR538-09	LB-32260	32260	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701747
FUPR539-09	LB-32261	32261	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701888
FUPR540-09	LB-32262	32262	645	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701746
FUPR541-09	LB-32263	32263	561	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701438
FUPR542-09	LB-32264	32264	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701749
FUPR545-09	LB-13770	13770	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus insperatus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701748
FUPR826-09	LB-38162	38162	522[1n]	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus nigricauda</i>	Minas Gerais	-21,28510094	-46,49349976	
FUPR828-09	LB-38164	38164	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus nigricauda</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701743
FUPR829-09	LB-38165	38165	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hisonotus nigricauda</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701742
FUPR552-09	LB-29927	29927	654	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus albopunctatus</i>	Sao Paulo	-21,34690094	-47,6332016	GU701728
FUPR553-09	LB-29928	29928	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus albopunctatus</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701731
FUPR554-09	LB-29929	29929	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus albopunctatus</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701730
FUPR555-09	LB-20868	20868	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus albopunctatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701733
FUPR556-09	LB-32028	32028	570	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus albopunctatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701732
FUPR613-09	LB-32288	32288	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ancistroides</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701723
FUPR614-09	LB-32289	32289	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ancistroides</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701727
FUPR615-09	LB-25964	25964	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ancistroides</i>	Parana	-22,64999962	-53,0909996	GU701726
FUPR616-09	LB-25965	25965	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ancistroides</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	GU701725
FUPR617-09	LB-25966	25966	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ancistroides</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	GU701729
FUPR557-09	LB-16365	16365	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus brevis</i>	Sao Paulo	-23,14999962	-48,26670074	
FUPR558-09	LB-16367	16367	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus brevis</i>	Sao Paulo	-23,52669907	-45,81980133	
FUPR559-09	LB-16368	16368	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus brevis</i>	Sao Paulo	-23,02429962	-48,8280983	GU701724

FUPR560-09	LBP-16369	16369	534	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus brevis</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	HM376401
FUPR861-09	LBP-17564	17564	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus cochliodon</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701714
FUPR868-09	LBP-17563	17563	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701718
FUPR869-09	LBP-17562	17562	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701717
FUPR870-09	LBP-16641	16641	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-23,33329964	-48,56669998	GU701716
FUPR871-09	LBP-16670	16670	579	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701720
FUPR872-09	LBP-16668	16668	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-21,0128994	-49,69029999	GU701719
FUPR873-09	LBP-16669	16669	591	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-23,52499962	-45,7879982	GU701722
FUPR874-09	LBP-16671	16671	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701721
FUPR875-09	LBP-16635	16635	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701719
FUPR876-09	LBP-16636	16636	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701722
FUPR877-09	LBP-16640	16640	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701721
FUPR878-09	LBP-17561	17561	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus commersoni</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701713
FUPR863-09	LBP-16642	16642	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus derbyi</i>	Sao Paulo	-20,40320015	-48,63570023	GU701712
FUPR864-09	LBP-16644	16644	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus derbyi</i>	Sao Paulo	-20,40320015	-48,63570023	GU701715
FUPR865-09	LBP-16643	16643	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus derbyi</i>	Sao Paulo	-20,40320015	-48,63570023	GU701705
FUPR866-09	LBP-17565	17565	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus derbyi</i>	Sao Paulo	-20,74550056	-49,77930069	GU701704
FUPR867-09	LBP-17566	17566	600	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus derbyi</i>	Sao Paulo	-20,74550056	-49,77930069	GU701708
FUPR590-09	LBP-20912	20912	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-22,99040031	-48,42720032	GU701707
FUPR591-09	LBP-20909	20909	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-22,99040031	-48,42720032	GU701711
FUPR592-09	LBP-20915	20915	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-22,36860085	-47,47719955	GU701710
FUPR593-09	LBP-20922	20922	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-23,01280022	-47,99769974	GU701709
FUPR594-09	LBP-20914	20914	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-23,01280022	-47,99769974	GU701703
FUPR595-09	LBP-20867	20867	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Parana	-22,66049957	-53,0848999	GU701702
FUPR596-09	LBP-22594	22594	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus heraldi</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059	GU701706
FUPR561-09	LBP-11271	11271	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus hermanni</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059	GU701705
FUPR562-09	LBP-11274	11274	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus hermanni</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059	GU701704
FUPR563-09	LBP-11275	11275	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus hermanni</i>	Sao Paulo	-22,63969994	-48,05310059	GU701703
FUPR564-09	LBP-11257	11257	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Sao Paulo	-23,10040092	-48,24010086	GU701702
FUPR565-09	LBP-17214	17214	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Sao Paulo	-23,10040092	-48,24010086	GU701701
FUPR566-09	LBP-17215	17215	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701699
FUPR567-09	LBP-17216	17216	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701698
FUPR568-09	LBP-17217	17217	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701697
FUPR569-09	LBP-17039	17039	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus iheringii</i>	Parana	-22,65029907	-53,0788002	GU701696
FUPR856-09	LBP-17549	17549	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus margaritifer</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701695
FUPR857-09	LBP-16648	16648	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus margaritifer</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	GU701694
FUPR858-09	LBP-16654	16654	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus margaritifer</i>	Parana	-22,66259956	-53,10469818	GU701693
FUPR859-09	LBP-16653	16653	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus margaritifer</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701692
FUPR860-09	LBP-17528	17528	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus margaritifer</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701691
FUPR849-09	LBP-16651	16651	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus microstomus</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701690
FUPR850-09	LBP-16652	16652	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus microstomus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701689
FUPR851-09	LBP-17541	17541	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus myersi</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701688
FUPR852-09	LBP-16637	16637	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus myersi</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701687
FUPR853-09	LBP-16638	16638	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus myersi</i>	Sao Paulo	-22,90430069	-50,00109863	GU701686
FUPR854-09	LBP-16639	16639	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus myersi</i>	Sao Paulo	-21,625	-47,80630112	GU701685
FUPR855-09	LBP-17559	17559	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus myersi</i>	Sao Paulo	-21,625	-47,80630112	GU701684
FUPR570-09	LBP-35845	35845	585	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus nigromaculatus</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701683
FUPR571-09	LBP-35846	35846	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus nigromaculatus</i>	Sao Paulo	-20,4932003	-48,63570023	GU701682
FUPR572-09	LBP-35847	35847	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypoostomus nigromaculatus</i>	Parana	-23,93829918	-50,72900009	GU701681

FUPR573-09	LBP-25962	25962	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	Parana	-23,64159966	-51,85919952	GU701691
FUPR574-09	LBP-18622	18622	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	Sao Paulo	-21,34690094	-47,6332016	GU701966
FUPR575-09	LBP-24686	24686	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	Sao Paulo	-21,34690094	-47,6332016	GU701964
FUPR576-09	LBP-24689	24689	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus nigromaculatus</i>	Sao Paulo	-20,94709969	-48,14780045	GU701681
FUPR577-09	LBP-29212	29212	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus paulinus</i>	Sao Paulo	-20,94709969	-48,14780045	GU701685
FUPR578-09	LBP-29213	29213	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus paulinus</i>	Sao Paulo	-20,94709969	-48,14780045	GU701684
FUPR579-09	LBP-27984	27984	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus paulinus</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	GU701683
FUPR580-09	LBP-27985	27985	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus paulinus</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	GU701687
FUPR581-09	LBP-27986	27986	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus paulinus</i>	Goiás	-17,09939957	-48,76150131	GU701687
FUPR582-09	LBP-35854	35854	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701676
FUPR583-09	LBP-35855	35855	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701680
FUPR584-09	LBP-35856	35856	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701679
FUPR585-09	LBP-17040	17040	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	GU701679
FUPR586-09	LBP-17041	17041	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	GU701678
FUPR587-09	LBP-11266	11266	621	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Sao Paulo	-20,94709969	-48,14780045	GU701682
FUPR588-09	LBP-11267	11267	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Sao Paulo	-20,94709969	-48,14780045	GU701682
FUPR589-09	LBP-11268	11268	645	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus regani</i>	Sao Paulo	-20,23609924	-48,66719818	GU701963
FUPR597-09	LBP-31517	31517	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	GU701670
FUPR598-09	LBP-31518	31518	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701669
FUPR599-09	LBP-10982	10982	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Sao Paulo	-23,01280022	-47,99769974	GU701668
FUPR600-09	LBP-23445	23445	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Sao Paulo	-23,01280022	-47,99769974	GU701672
FUPR601-09	LBP-23446	23446	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Parana	-22,6692009	-53,09289932	GU701671
FUPR602-09	LBP-10567	10567	639	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso	-16,05310059	-57,80889893	GU701877
FUPR603-09	LBP-25930	25930	624	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso	-16,05310059	-57,80889893	GU701675
FUPR604-09	LBP-11258	11258	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso	-16,05310059	-57,80889893	GU701674
FUPR605-09	LBP-11259	11259	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso	-16,05310059	-57,80889893	GU701673
FUPR831-09	LBP-16666	16666	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso	-16,05310059	-57,80889893	GU701953
FUPR832-09	LBP-16667	16667	525	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso do Sul	-19,58180046	-56,25460052	GU701954
FUPR976-09	LBP-11258b	11258	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso do Sul	-19,58180046	-56,25460052	GU701951
FUPR977-09	LBP-11259b	11259	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus strigaticeps</i>	Mato Grosso do Sul	-19,58180046	-56,25460052	GU701667
FUPR879-09	LBP-16649	16649	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ternetzi</i>	Mato Grosso do Sul	-19,58180046	-56,25460052	GU701666
FUPR880-09	LBP-16650	16650	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus ternetzi</i>	Mato Grosso do Sul	-19,58180046	-56,25460052	GU701666
FUPR606-09	LBP-28384	28394	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus tietensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72960091	-53,31779861	GU701662
FUPR607-09	LBP-28425	28425	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus tietensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72960091	-53,31779861	GU701661
FUPR608-09	LBP-28426	28426	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus tietensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72960091	-53,31779861	GU701665
FUPR609-09	LBP-28427	28427	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus tietensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72960091	-53,31779861	GU701664
FUPR610-09	LBP-28428	28428	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus tietensis</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72960091	-53,31779861	GU701663
FUPR611-09	LBP-18246	18246	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus topavae</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701659
FUPR612-09	LBP-18247	18247	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Hypostomus topavae</i>	Sao Paulo	-21,97450066	-47,41820145	GU701659
FUPR618-09	LBP-29994	29994	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701648
FUPR619-09	LBP-29995	29995	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701961
FUPR620-09	LBP-29996	29996	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701962
FUPR621-09	LBP-29763	29763	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701647
FUPR622-09	LBP-29764	29764	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701651
FUPR623-09	LBP-29767	29767	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701650
FUPR994-09	LBP-40259	40259	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701905
FUPR995-09	LBP-40260	40260	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701906
FUPR996-09	LBP-40261	40261	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Mato Grosso do Sul	-22,72949982	-53,31779861	GU701902
FUPR997-09	LBP-40262	40262	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Sao Paulo	-21,4076004	-50,05709839	GU701903

FUPR998-09	LBP-40263	40263	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Isbrueckerichthys saxicola</i>	Sao Paulo	-20,62059975	-49,89459991	GU701901
FUPR759-09	LBP-37206	37206	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricaria lentiginosa</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701637
FUPR760-09	LBP-37207	37207	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricaria lentiginosa</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701636
FUPR296-09	LBP-17295	17295	687	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR297-09	LBP-26395	26395	744	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	
FUPR801-09	LBP-19262	19262	633	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701635
FUPR803-09	LBP-17294	17294	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Parana	-22,67340088	-53,08580017	GU701634
FUPR804-09	LBP-26392	26392	622	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Sao Paulo	-22,86910057	-48,36759949	
FUPR805-09	LBP-26393	26393	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Loricariichthys platymetopon</i>	Sao Paulo	-22,86910057	-48,36759949	GU701638
FUPR767-09	LBP-36608	36608	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Megalancistrus parananus</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701632
FUPR768-09	LBP-36609	36609	654	Siluriformes	Loricariidae	<i>Megalancistrus parananus</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	GU701878
FUPR769-09	LBP-36943	36943	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Megalancistrus parananus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701874
FUPR770-09	LBP-36944	36944	654	Siluriformes	Loricariidae	<i>Megalancistrus parananus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701875
FUPR625-09	LBP-34406	34406	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp1</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	GU701621
FUPR626-09	LBP-34407	34407	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp1</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	GU701625
FUPR627-09	LBP-34421	34421	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp1</i>	Sao Paulo	-20,43350029	-51,26139832	GU701624
FUPR628-09	LBP-34422	34422	636	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp1</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	GU701628
FUPR629-09	LBP-34401	34401	648	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp2</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	GU701619
FUPR630-09	LBP-34402	34402	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp2</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	GU701620
FUPR631-09	LBP-34403	34403	441	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp2</i>	Sao Paulo	-20,08539963	-50,98310089	
FUPR632-09	LBP-34404	34404	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp2</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701623
FUPR633-09	LBP-33303	33303	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp2</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	GU701622
FUPR1301-10	LBP-44558	44558	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp.</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR1300-10	LBP-44557	44557	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp.</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR1299-10	LBP-44556	44556	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp.</i>	Minas Gerais	-20,34230042	-46,7867012	
FUPR1295-10	LBP-44512	44512	669	Siluriformes	Loricariidae	<i>Microlepidogaster sp.</i>	Minas Gerais	-20,34230042	-46,7867012	
FUPR1451-10	LBP-33415	33415	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus corumba</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	
FUPR1450-10	LBP-33413	33413	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus corumba</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	
FUPR1449-10	LBP-33411	33411	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus corumba</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	
FUPR1448-10	LBP-33410	33410	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus corumba</i>	Sao Paulo	-23,02429962	-48,8280983	
FUPR1447-10	LBP-17104	17104	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus espiritosantensis</i>	Sao Paulo	-23,02429962	-48,8280983	
FUPR1446-10	LBP-17103	17103	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus espiritosantensis</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	
FUPR1445-10	LBP-17102	17102	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus espiritosantensis</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	
FUPR1444-10	LBP-15243	15243	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus espiritosantensis</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	
FUPR1455-10	LBP-31681	31681	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus franciscoensis</i>	Sao Paulo	-21,24559975	-48,29729843	
FUPR1454-10	LBP-31549	31549	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus franciscoensis</i>	Sao Paulo	-21,24559975	-48,29729843	
FUPR1453-10	LBP-31535	31535	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus franciscoensis</i>	Sao Paulo	-21,24559975	-48,29729843	
FUPR1452-10	LBP-31533	31533	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus franciscoensis</i>	Sao Paulo	-21,24559975	-48,29729843	
FUPR1438-10	LBP-29385	29385	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus microps</i>	Sao Paulo	-21,24559975	-48,29729843	
FUPR1437-10	LBP-29383	29383	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus microps</i>	Minas Gerais	-17,69510078	-40,76979828	
FUPR1436-10	LBP-29382	29382	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus microps</i>	Minas Gerais	-17,69510078	-40,76979828	
FUPR1435-10	LBP-10232	10232	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus microps</i>	Minas Gerais	-17,69510078	-40,76979828	
FUPR1434-10	LBP-7593	7593	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus microps</i>	Minas Gerais	-17,69510078	-40,76979828	
FUPR1379-10	LBP-17449	17449	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus paranensis</i>	Sao Paulo	-21,97450066	-47,41820145	
FUPR1378-10	LBP-17447	17447	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus paranensis</i>	Parana	-22,64789963	-53,07860184	
FUPR1377-10	LBP-17445	17445	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus paranensis</i>	Goias	-15,72850037	-47,91090012	
FUPR1376-10	LBP-17438	17438	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus paranensis</i>				
FUPR1443-10	LBP-34841N	34841	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus ribeirensis</i>				
FUPR1442-10	LBP-34839N	34839	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus ribeirensis</i>				

FUPR1402-10	LBP-18615	18615	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp7</i>	Sao Paulo	-23,1499962	-48,26670074	GU701608
FUPR1401-10	LBP-18614	18614	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp7</i>	Sao Paulo	-23,1499962	-48,26670074	GU701607
FUPR1400-10	LBP-18613	18613	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp7</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701593
FUPR1399-10	LBP-18612	18612	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp7</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701596
FUPR1408-10	LBP-33442	33442	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp8</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701595
FUPR1407-10	LBP-33429	33429	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp8</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701599
FUPR1406-10	LBP-33428	33428	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp8</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701598
FUPR1405-10	LBP-33427	33427	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp8</i>	Sao Paulo	-22,7859993	-45,6882019	GU701594
FUPR1404-10	LBP-33426	33426	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp8</i>	Sao Paulo	-22,7859993	-45,6882019	GU701560
FUPR1411-10	LBP-10248	10248	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp9</i>	Sao Paulo	-22,7859993	-45,6882019	GU701590
FUPR1410-10	LBP-10244	10244	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp9</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701589
FUPR1409-10	LBP-10228	10228	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus sp9</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701592
FUPR1433-10	LBP-29907	29907	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus yapo</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701594
FUPR1432-10	LBP-29762	29762	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus yapo</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701590
FUPR1431-10	LBP-24681	24681	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus yapo</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701589
FUPR1430-10	LBP-24680	24680	588	Siluriformes	Loricariidae	<i>Neoplecostomus yapo</i>	Parana	-23,64159966	-51,85929871	GU701592
FUPR642-09	LBP-23268	23268	582	Siluriformes	Loricariidae	<i>Otothyropsis marapoama</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701594
FUPR643-09	LBP-24604	24604	633	Siluriformes	Loricariidae	<i>Otothyropsis marapoama</i>	Parana	-22,71759987	-53,29100037	GU701590
FUPR809-09	LBP-21478	21478	567	Siluriformes	Loricariidae	<i>Otothyropsis sp.</i>	Sao Paulo	-23,7709991	-46,76599884	GU701594
FUPR844-09	LBP-37567	37567	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina carranca</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701596
FUPR845-09	LBP-37565	37565	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina carranca</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701595
FUPR846-09	LBP-37564	37564	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina carranca</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701599
FUPR847-09	LBP-37568	37568	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina carranca</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701598
FUPR848-09	LBP-37566	37566	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina carranca</i>	Parana	-25,09210014	-52,49459839	GU701590
FUPR644-09	LBP-24190	24190	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina sp.</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701589
FUPR645-09	LBP-24191	24191	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina sp.</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701592
FUPR646-09	LBP-24210	24210	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina sp.</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701895
FUPR647-09	LBP-24211	24211	633	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina sp.</i>	Sao Paulo	-21,92709923	-47,36790085	GU701594
FUPR648-09	LBP-24212	24212	633	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pareiorhina sp.</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	GU701560
FUPR761-09	LBP-34923	34923	630	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Minas Gerais	-20,09659958	-44,04249954	HM899913
FUPR762-09	LBP-34924	34924	624	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Sao Paulo	-21,32699966	-47,23880005	GU701561
FUPR763-09	LBP-34925	34925	624	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Sao Paulo	-22,89929962	-48,38650131	GU701546
FUPR764-09	LBP-34926	34926	624	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Sao Paulo	-22,89929962	-48,38650131	GU701545
FUPR765-09	LBP-34927	34927	624	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Sao Paulo	-22,89929962	-48,38650131	GU701549
FUPR766-09	LBP-34928	34928	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Proloricaria proluxa</i>	Sao Paulo	-23,77129936	-46,76570129	GU701548
FUPR299-09	LBP-21475	21475	696	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pseudotocinclus tietensis</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701551
FUPR300-09	LBP-21477	21477	696	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pseudotocinclus tietensis</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701550
FUPR808-09	LBP-21476	21476	651[1n]	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pseudotocinclus tietensis</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701546
FUPR649-09	LBP-32034	32034	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Sao Paulo	-21,87660027	-47,41180038	GU701545
FUPR650-09	LBP-32035	32035	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Sao Paulo	-21,87660027	-47,41180038	GU701549
FUPR651-09	LBP-32036	32036	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Sao Paulo	-21,87660027	-47,41180038	GU701548
FUPR652-09	LBP-26686	26686	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701551
FUPR653-09	LBP-26349	26349	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701550
FUPR788-09	LBP-26685	26685	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701546
FUPR789-09	LBP-31754	31754	657	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Parana	-25,4197998	-54,53559875	GU701545
FUPR790-09	LBP-31755	31755	616	Siluriformes	Loricariidae	<i>Pterygoplichthys anitsi</i>	Parana	-22,6215992	-52,76409912	GU701549
FUPR811-09	LBP-31974	31974	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rhinelepis aspera</i>	Parana	-22,65029907	-53,09159851	HM376400
FUPR813-09	LBP-26751	26751	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rhinelepis aspera</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	HM376400
FUPR814-09	LBP-26754	26754	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rhinelepis aspera</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	HM376400

FUPR815-09	LBP-26755	26755	606	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rhinelepis aspera</i>	Parana	-22,791,40091	-53,34939957	GU701520
FUPR654-09	LBP-26332	26332	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria latirostris</i>	Sao Paulo	-23,770,29991	-46,311,00082	GU701524
FUPR655-09	LBP-26333	26333	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria latirostris</i>	Sao Paulo	-21,624,09973	-47,806,30112	GU701523
FUPR656-09	LBP-19533	19533	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria latirostris</i>	Sao Paulo	-21,624,09973	-47,806,30112	GU701526
FUPR657-09	LBP-19534	19534	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria latirostris</i>	Sao Paulo	-21,107,00035	-50,264,59885	GU701525
FUPR975-09	LBP-38088	38088	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria latirostris</i>	Sao Paulo	-21,974,50066	-47,418,20145	GU701420
FUPR1026-09	LBP-34799b	LBP 7357	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-21,107,00035	-50,264,59885	GU701881
FUPR658-09	LBP-34798	34798	654	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-21,107,00035	-50,264,59885	GU701873
FUPR660-09	LBP-34800	34800	634	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-18,424,49951	-48,065,29999	GU701657
FUPR661-09	LBP-35401	35401	634	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-18,424,49951	-48,065,29999	GU701660
FUPR662-09	LBP-35402	35402	651	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-18,424,49951	-48,065,29999	HM376396
FUPR663-09	LBP-29769	29769	633	Siluriformes	Loricariidae	<i>Rineloricaria pentamaculata</i>	Sao Paulo	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701571
FUPR664-09	LBP-36613	36613	636	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Hypophthalmus oremaculatus</i>	Sao Paulo	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701570
FUPR665-09	LBP-36617	36617	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Hypophthalmus oremaculatus</i>	Parana	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701570
FUPR666-09	LBP-37265	37265	606	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Hypophthalmus oremaculatus</i>	Parana	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701570
FUPR667-09	LBP-37208	37208	654	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Sao Paulo	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701563
FUPR668-09	LBP-37209	37209	654	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701567
FUPR669-09	LBP-37210	37210	648	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701566
FUPR670-09	LBP-37211	37211	636[1n]	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701900
FUPR671-09	LBP-29269	29269	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Sao Paulo	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701565
FUPR672-09	LBP-29302	29302	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Iheringichthys labrosus</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701569
FUPR673-09	LBP-32040	32040	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pimelodus maculatus</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701568
FUPR674-09	LBP-37266	37266	606	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pimelodus maculatus</i>	Parana	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701563
FUPR675-09	LBP-26733	26733	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-23,641,59966	-51,859,29871	GU701567
FUPR676-09	LBP-26734	26734	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701566
FUPR677-09	LBP-26735	26735	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701900
FUPR678-09	LBP-26736	26736	636	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701565
FUPR679-09	LBP-26737	26737	657	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701569
FUPR680-09	LBP-36615	36615	648	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701568
FUPR681-09	LBP-36945	36945	606	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pirirampus pirirampu</i>	Parana	-25,419,7998	-54,535,59875	GU701568
FUPR298-09	LBP-26757	26757	702	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>	Sao Paulo	-22,785,60066	-48,481,49872	GU701553
FUPR684-09	LBP-36614	36614	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>	Sao Paulo	-22,763,39912	-48,261,60049	GU701555
FUPR685-09	LBP-36616	36616	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>	Sao Paulo	-22,763,39912	-48,261,60049	GU701555
FUPR836-09	LBP-38169	38169	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma corruscans</i>	Sao Paulo	-22,763,39912	-48,261,60049	GU701558
FUPR682-09	LBP-36610	36610	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>	Parana	-22,621,5992	-52,764,09912	GU701554
FUPR683-09	LBP-36611	36611	570	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Pseudoplatystoma reticulatum</i>	Parana	-22,621,5992	-52,764,09912	GU701554
FUPR686-09	LBP-25638	25638	615	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Steindachneridion scriptum</i>	Parana	-22,632,60078	-53,052,60086	HM376397
FUPR687-09	LBP-26717	26717	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,728,00064	-46,813,99918	GU701453
FUPR688-09	LBP-26738	26738	654	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,728,00064	-46,813,99918	GU701896
FUPR689-09	LBP-15141	15141	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,770,99991	-46,765,99884	GU701452
FUPR690-09	LBP-15142	15142	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,770,99991	-46,765,99884	GU701456
FUPR691-09	LBP-15143	15143	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,770,99991	-46,765,99884	GU701455
FUPR692-09	LBP-36602	36602	651	Siluriformes	Pimelodidae	<i>Zungaro jahu</i>	Sao Paulo	-23,770,99991	-46,765,99884	GU701454
FUPR693-09	LBP-22539	22539	645	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Microglanis garavello</i>	Sao Paulo	-22,911,39984	-48,487,89978	GU701627
FUPR694-09	LBP-22540	22540	639	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Microglanis garavello</i>	Sao Paulo	-22,911,39984	-48,487,89978	GU701626
FUPR695-09	LBP-10557	10557	654	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Microglanis garavello</i>	Sao Paulo	-22,911,39984	-48,487,89978	GU701443
FUPR696-09	LBP-10561	10561	645	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Microglanis garavello</i>	Sao Paulo	-22,911,39984	-48,487,89978	GU701629
FUPR697-09	LBP-10562	10562	606	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Microglanis garavello</i>	Sao Paulo	-22,911,39984	-48,487,89978	GU701629
FUPR698-09	LBP-37226	37226	654	Siluriformes	Pseudo pimelodidae	<i>Pseudopimelodus mangurus</i>	Sao Paulo	-23,770,29991	-46,311,00082	GU701444

FUPR699-09	LBP-37227	37227	654	Siluriformes	Pseudopimelodidae	<i>Pseudopimelodus mangurus</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701870
FUPR700-09	LBP-37228	37228	651	Siluriformes	Pseudopimelodidae	<i>Pseudopimelodus mangurus</i>	Sao Paulo	-23,77029991	-46,31100082	GU701557
FUPR702-09	LBP-17433	17433	630	Siluriformes	Pseudopimelodidae	<i>Pseudopimelodus sp.</i>	Sao Paulo	-22,78560066	-48,48149872	GU701556
FUPR703-09	LBP-35885	35885	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Ituglanis sp.</i>	Sao Paulo	-20,62059975	-49,89459991	GU701643
FUPR704-09	LBP-35886	35886	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Ituglanis sp.</i>	Sao Paulo	-22,43670082	-49,2112999	GU701642
FUPR705-09	LBP-35887	35887	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Ituglanis sp.</i>	Sao Paulo	-22,43670082	-49,2112999	GU701646
FUPR706-09	LBP-35888	35888	639	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Ituglanis sp.</i>	Sao Paulo	-22,43670082	-49,2112999	GU701645
FUPR707-09	LBP-35889	35889	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Ituglanis sp.</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-40,12279892	GU701644
FUPR708-09	LBP-34425	34425	627	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701597
FUPR709-09	LBP-34426	34426	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Parana	-22,64710045	-53,07690048	GU701601
FUPR710-09	LBP-34427	34427	639	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Sao Paulo	-22,67639923	-45,55939865	GU701600
FUPR711-09	LBP-38147	38147	642	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701957
FUPR712-09	LBP-38148	38148	642	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701959
FUPR713-09	LBP-38149	38149	642	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Parastegophilus paulensis</i>	Sao Paulo	-21,19309998	-49,12279892	GU701960
FUPR714-09	LBP-31669	31669	657	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus brasiliensis</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701475
FUPR715-09	LBP-31575	31575	657	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus brasiliensis</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701479
FUPR716-09	LBP-31576	31576	657	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus brasiliensis</i>	Sao Paulo	-22,67589951	-45,68289948	GU701478
FUPR301-09	LBP-19860	19860	681	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus diabolus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR302-09	LBP-19861	19861	684	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus diabolus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR303-09	LBP-21297	21297	696	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus diabolus</i>	Parana	-22,63260078	-53,05260086	
FUPR304-09	LBP-21298	21298	702	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus diabolus</i>	Parana	-22,65029907	-53,07880002	
FUPR310-09	LBP-21295	21295	607	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus diabolus</i>	Sao Paulo	-21,17679977	-49,17250061	
FUPR722-09	LBP-7660	7660	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	GU701473
FUPR723-09	LBP-7645	7645	622	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	
FUPR725-09	LBP-7647	7647	622	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-24,07349968	-52,29109955	
FUPR743-09	LBP-19838	19838	648	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902	GU701412
FUPR744-09	LBP-25889	25889	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902	GU701464
FUPR745-09	LBP-24562	24562	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902	GU701468
FUPR746-09	LBP-24563	24563	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902	GU701467
FUPR747-09	LBP-24564	24564	648	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Mato Grosso do Sul	-22,7220993	-53,28649902	GU701466
FUPR748-09	LBP-24565	24565	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701469
FUPR749-09	LBP-21802	21802	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701474
FUPR750-09	LBP-21803	21803	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701477
FUPR751-09	LBP-21759	21759	654	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701892
FUPR752-09	LBP-21760	21760	654	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701893
FUPR753-09	LBP-21761	21761	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus iheringi</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701476
FUPR305-09	LBP-29274	29274	684	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus maracaya</i>	Sao Paulo	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR306-09	LBP-29275	29275	678	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus maracaya</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR307-09	LBP-29276	29276	702	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus maracaya</i>	Parana	-22,93919945	-50,25230026	
FUPR308-09	LBP-29277	29277	696	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus maracaya</i>	Minas Gerais	-19,68330002	-48,66910172	
FUPR309-09	LBP-29278	29278	663	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus maracaya</i>				
FUPR733-09	LBP-37826	37826	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701460
FUPR734-09	LBP-37827	37827	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701459
FUPR735-09	LBP-37828	37828	522[1n]	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701463
FUPR736-09	LBP-37829	37829	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701462
FUPR738-09	LBP-37823	37823	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701472
FUPR739-09	LBP-37824	37824	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701471
FUPR740-09	LBP-37825	37825	642	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus mimonha</i>				GU701470
FUPR726-09	LBP-36308	36308	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus paolence</i>				HM376398

FUPR717-09	LBP-18617	18617	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus pauciradiatus</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	GU701958
FUPR842-09	LBP-38145	38145	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus pauciradiatus</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	GU701413
FUPR843-09	LBP-38146	38146	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus pauciradiatus</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	GU701414
FUPR1457-10	LBP-47976	47976	594	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp1</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	
FUPR1456-10	LBP-47965	47965	639	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp1</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	
FUPR1461-10	LBP-47990	47990	600	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp2</i>	Sao Paulo	-23,57640076	-45,97449875	
FUPR1460-10	LBP-47989	47989	645	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp2</i>				
FUPR1459-10	LBP-47988	47988	636	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp2</i>				
FUPR1458-10	LBP-47987	47987	630	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp2</i>				
FUPR1464-10	LBP-47995	47995	630	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp3</i>				
FUPR1463-10	LBP-47994	47994	615	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp3</i>				
FUPR1462-10	LBP-47992	47992	642	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp3</i>				
FUPR1466-10	LBP-47966	47966	633	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp4</i>				
FUPR1465-10	LBP-47075	47975	639	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp4</i>				
FUPR1467-10	LBP-47993	47993	639	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp5</i>				
FUPR1468-10	LBP-47991	47991	636	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus sp6</i>				
FUPR737-09	LBP-29199	29199	651	Siluriformes	Trichomycteridae	<i>Trichomycterus vermiculatus</i>	Parana	-22,63500023	-52,8219986	GU701465
FUPR956-09	LBP-31797	31797	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-22,89940071	-48,38669968	GU701492
FUPR957-09	LBP-31798	31798	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-22,89940071	-48,38669968	GU701491
FUPR958-09	LBP-31799	31799	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-22,89940071	-48,38669968	GU701494
FUPR959-09	LBP-31957	31957	609	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-22,89940071	-48,38669968	HM902742
FUPR960-09	LBP-32293	32293	654	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	HM422472
FUPR961-09	LBP-29988	29988	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Parana	-22,79140091	-53,34939957	GU701493
FUPR962-09	LBP-29989	29989	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701497
FUPR963-09	LBP-29990	29990	657	Synbranchiiformes	Synbranchiidae	<i>Synbranchius marmoratus</i>	Sao Paulo	-21,10700035	-50,26459885	GU701496

Anexo 3

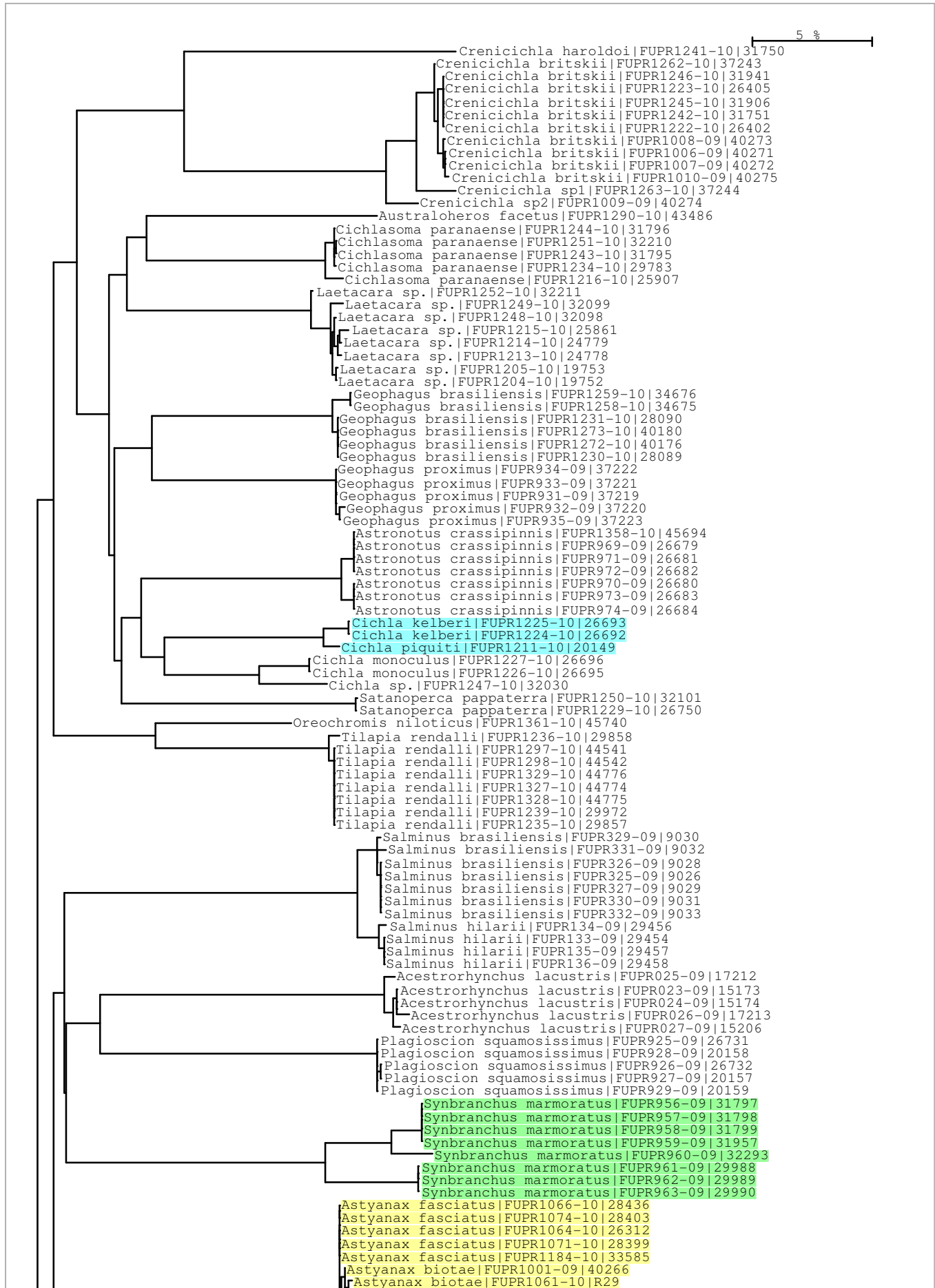
Dendrograma gerado por NJ utilizando as ferramentas do BOLD com todos os espécimes analisados.

BOLD TaxonID Tree

```
Project      : MERGED: (AUPRB,FUPR)
Subprojects  : Astyanax from Upper Paraná River Basin[AUPRB]
              Fishes from Upper Parana River, Brazil[FUPR]

Date        : 12-January-2011
Data Type   : Nucleotide
Distance Model : Kimura 2 Parameter
Marker      : COI-5P
Codon Positions : 1st, 2nd, 3rd
Labels      : ProcessID, Catalog Number,
Filters     : Length > 200

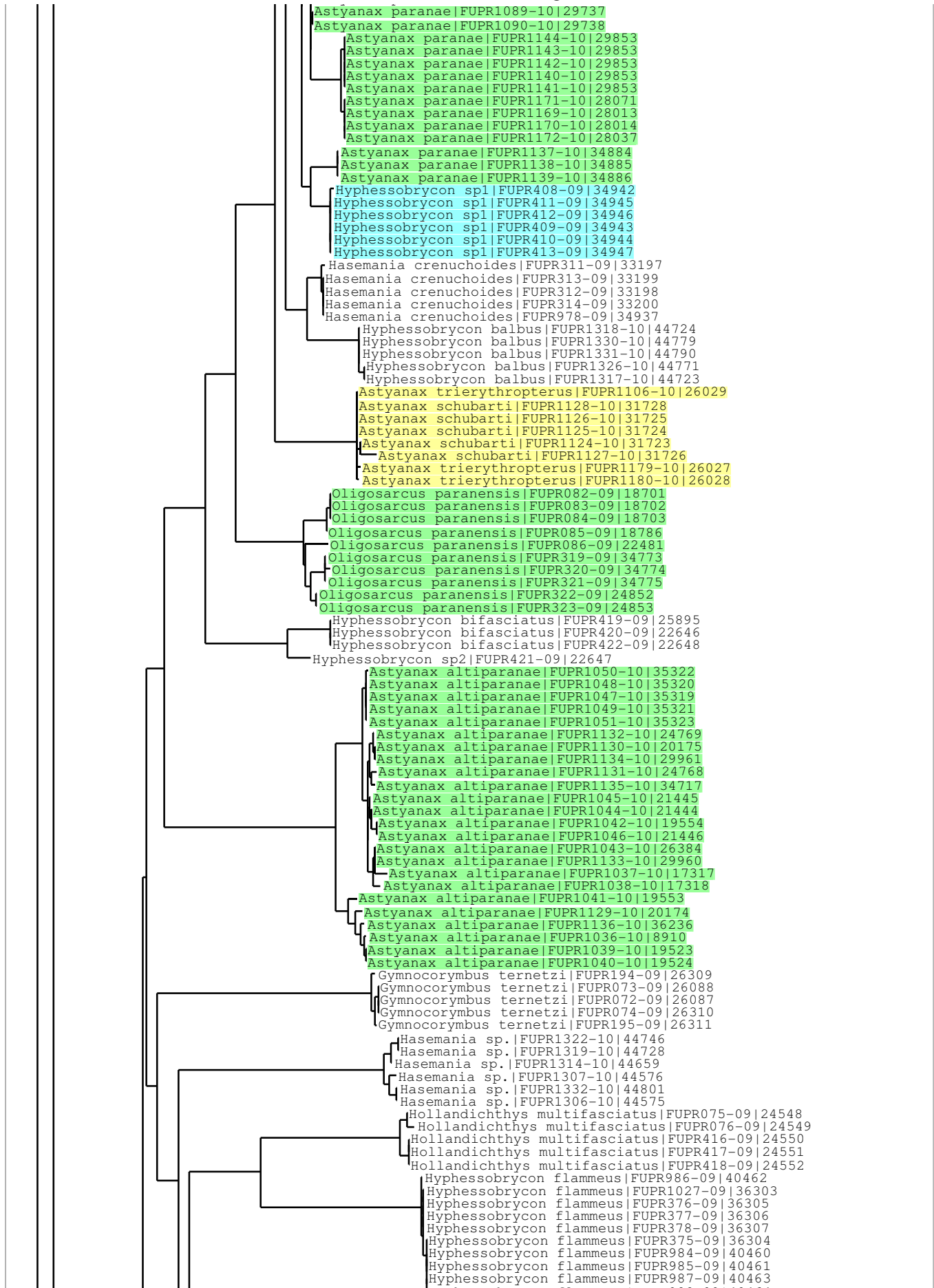
Sequence Count : 1378
Species count  : 262
Genus count    : 127
Family count   : 33
Unidentified   : 1
```

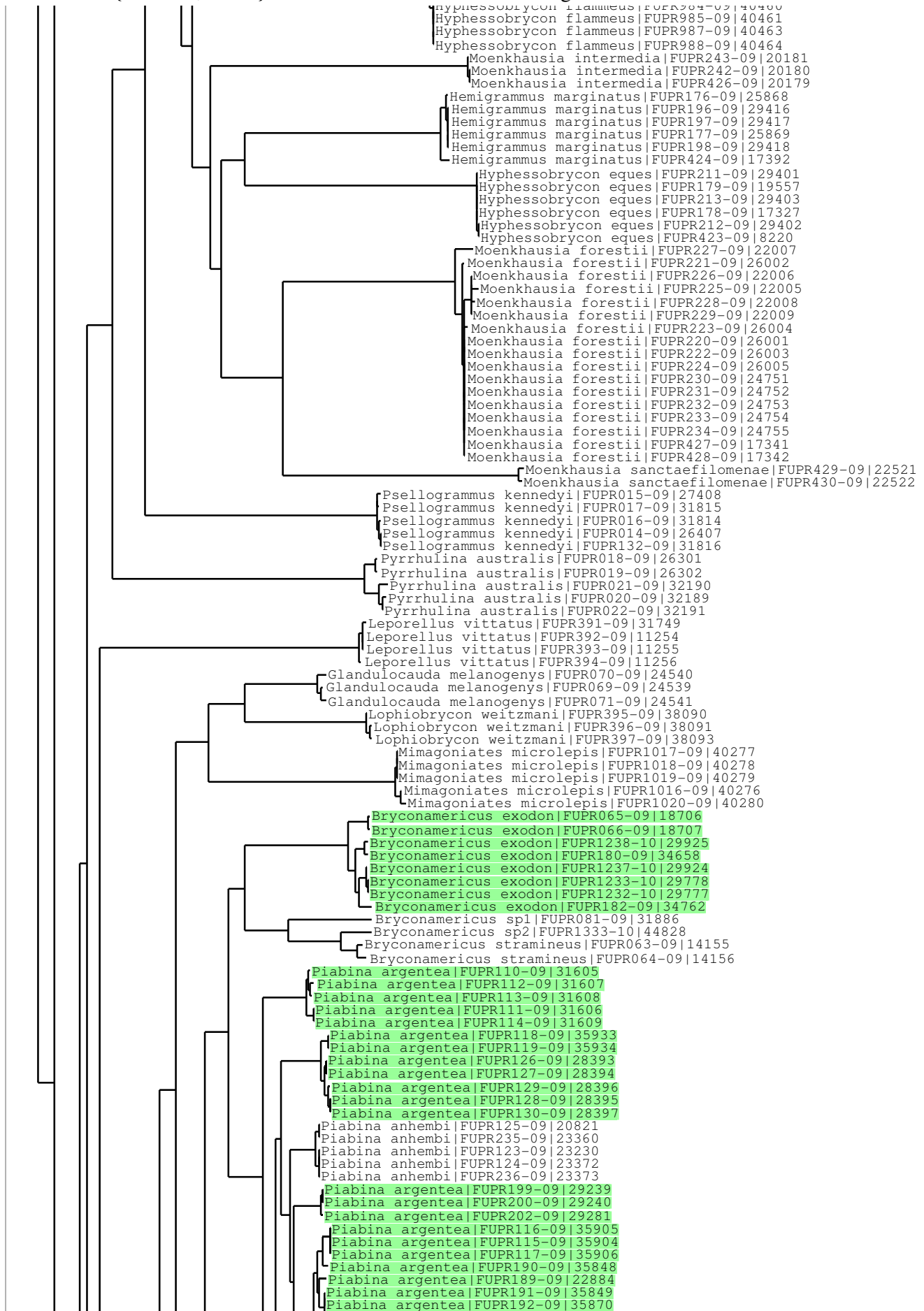


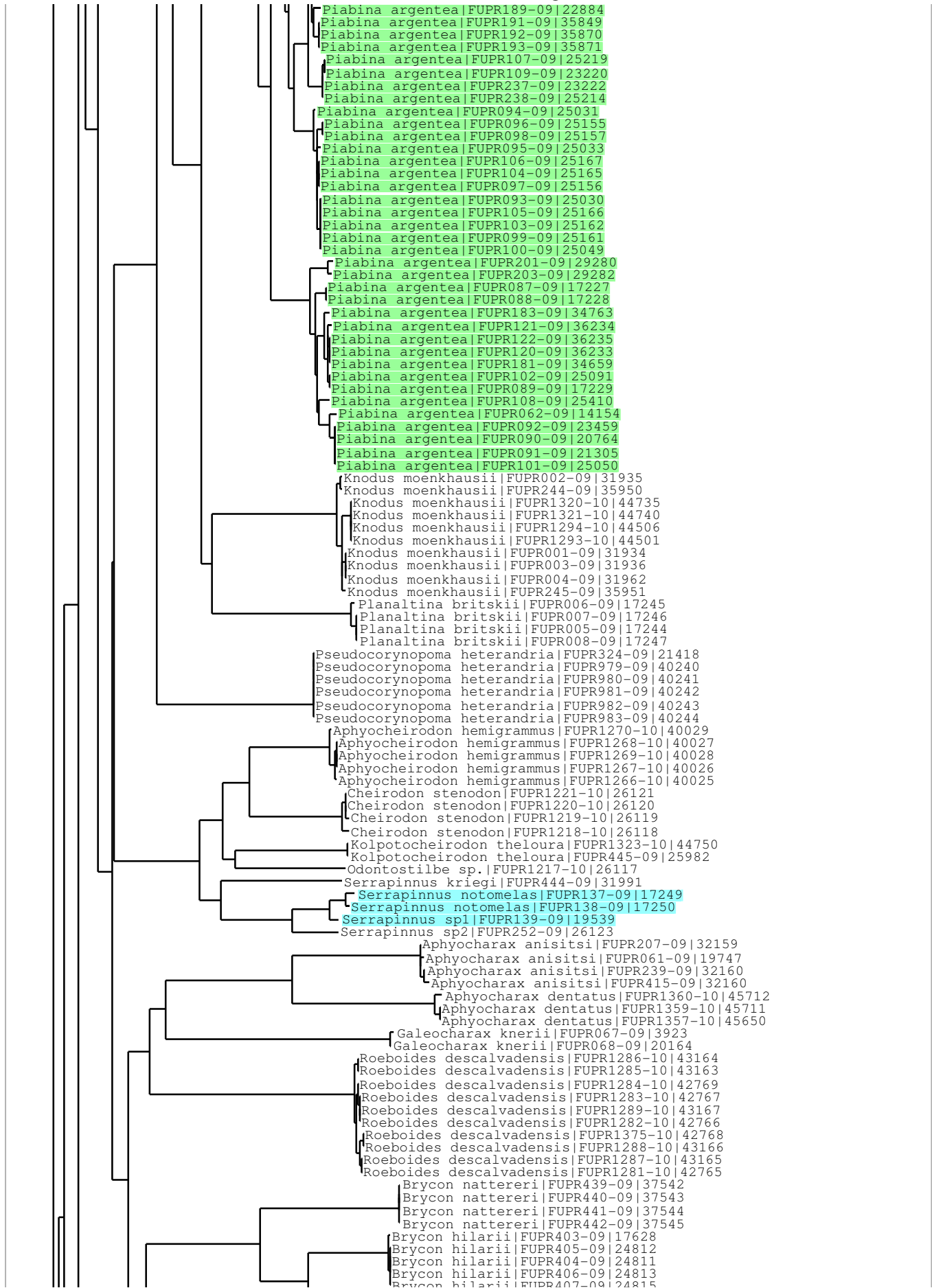
```

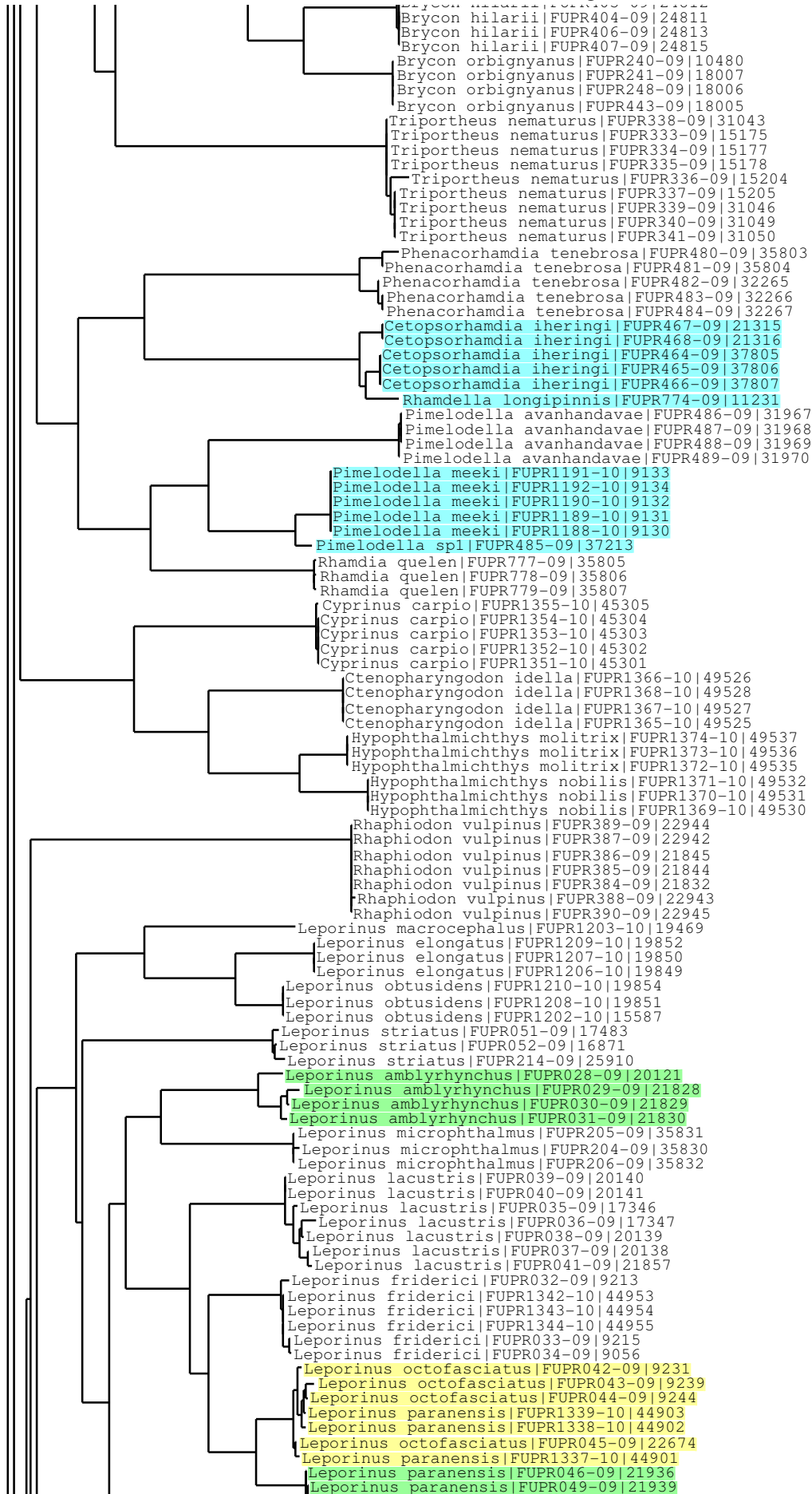
Astyanax fasciatus|FUPR1184-10|33585
Astyanax biotae|FUPR1001-09|40266
Astyanax biotae|FUPR1061-10|R29
Astyanax biotae|FUPR1062-10|R30
Astyanax fasciatus|FUPR1073-10|28402
Astyanax fasciatus|FUPR1072-10|28401
Astyanax fasciatus|FUPR1093-10|28388
Astyanax fasciatus|FUPR1095-10|28390
Astyanax fasciatus|FUPR1094-10|28389
Astyanax fasciatus|FUPR1096-10|28391
Astyanax fasciatus|FUPR1097-10|28392
Astyanax fasciatus|FUPR1084-10|29705
Astyanax fasciatus|FUPR1068-10|28439
Astyanax fasciatus|FUPR1183-10|33583
Astyanax fasciatus|FUPR1081-10|32223
Astyanax fasciatus|FUPR1082-10|32224
Astyanax fasciatus|FUPR1063-10|21441
Astyanax fasciatus|FUPR1182-10|33577
Astyanax fasciatus|FUPR1181-10|33574
Astyanax fasciatus|FUPR1185-10|33589
Astyanax fasciatus|FUPR1065-10|26313
Astyanax fasciatus|FUPR251-09|24893
Astyanax fasciatus|FUPR1168-10|29193
Astyanax fasciatus|FUPR1160-10|22887
Astyanax fasciatus|FUPR1067-10|28437
Astyanax fasciatus|FUPR1083-10|29704
Astyanax fasciatus|FUPR1079-10|32221
Astyanax fasciatus|FUPR1080-10|32222
Astyanax fasciatus|FUPR1085-10|29708
Astyanax fasciatus|FUPR1086-10|29709
Astyanax fasciatus|FUPR1069-10|28440
Astyanax fasciatus|FUPR1159-10|22886
Astyanax fasciatus|FUPR1165-10|22498
Astyanax fasciatus|FUPR1167-10|29192
Astyanax biotae|FUPR1003-09|40268
Astyanax biotae|FUPR1002-09|40267
Astyanax biotae|FUPR1000-09|40265
Astyanax biotae|FUPR999-09|40264
Astyanax fasciatus|FUPR1157-10|4172
Astyanax fasciatus|FUPR1156-10|4171
Astyanax fasciatus|FUPR1158-10|4173
Astyanax fasciatus|FUPR1166-10|35817
Astyanax fasciatus|FUPR1120-10|10612
Astyanax fasciatus|FUPR1118-10|10597
Astyanax fasciatus|FUPR1119-10|10611
Astyanax fasciatus|FUPR1121-10|10613
Astyanax fasciatus|FUPR1122-10|10628
Astyanax fasciatus|FUPR1123-10|10639
Astyanax fasciatus|FUPR1070-10|22587
Astyanax fasciatus|FUPR1077-10|32217
Astyanax fasciatus|FUPR1076-10|32216
Astyanax fasciatus|FUPR1075-10|32215
Astyanax fasciatus|FUPR1078-10|32218
Astyanax fasciatus|FUPR1186-10|32219
Astyanax fasciatus|FUPR1305-10|44570
Astyanax fasciatus|FUPR1308-10|44579
Astyanax fasciatus|FUPR1146-10|35600
Astyanax fasciatus|FUPR1107-10|25629
Astyanax fasciatus|FUPR1109-10|25631
Astyanax fasciatus|FUPR1108-10|25630
Astyanax fasciatus|FUPR1174-10|35865
Astyanax fasciatus|FUPR1145-10|35599
Astyanax fasciatus|FUPR1176-10|36237
Astyanax fasciatus|FUPR1177-10|35864
Astyanax fasciatus|FUPR1148-10|35880
Astyanax fasciatus|FUPR1151-10|35894
Astyanax fasciatus|FUPR1150-10|35893
Astyanax fasciatus|FUPR1173-10|35863
Astyanax fasciatus|FUPR1149-10|35881
Astyanax fasciatus|FUPR1175-10|35867
Astyanax fasciatus|FUPR1178-10|35866
Astyanax fasciatus|FUPR1315-10|44718
Astyanax fasciatus|FUPR1316-10|44719
Astyanax paranae|FUPR1147-10|35818
Astyanax paranae|FUPR1098-10|10309
Astyanax paranae|FUPR1101-10|12282
Astyanax paranae|FUPR1099-10|10310
Astyanax paranae|FUPR1100-10|12280
Astyanax paranae|FUPR1103-10|21798
Astyanax paranae|FUPR1104-10|21799
Astyanax paranae|FUPR1102-10|21419
Astyanax paranae|FUPR1105-10|22588
Astyanax paranae|FUPR1116-10|10629
Astyanax paranae|FUPR1115-10|10626
Astyanax paranae|FUPR1117-10|10630
Astyanax bockmanni|FUPR1111-10|25952
Astyanax bockmanni|FUPR1113-10|25975
Astyanax bockmanni|FUPR1110-10|25951
Astyanax bockmanni|FUPR1112-10|25974
Astyanax bockmanni|FUPR1114-10|26330
Astyanax bockmanni|FUPR1187-10|33575
Astyanax paranae|FUPR1152-10|35971
Astyanax paranae|FUPR1153-10|35972
Astyanax paranae|FUPR1154-10|35981
Astyanax paranae|FUPR1155-10|35982
Astyanax paranae|FUPR1088-10|29736
Astyanax paranae|FUPR1087-10|29735
Astyanax paranae|FUPR1091-10|29739
Astyanax paranae|FUPR1092-10|29740
Astyanax paranae|FUPR1089-10|29737
Astyanax paranae|FUPR1090-10|29738
Astyanax paranae|FUPR1144-10|29853

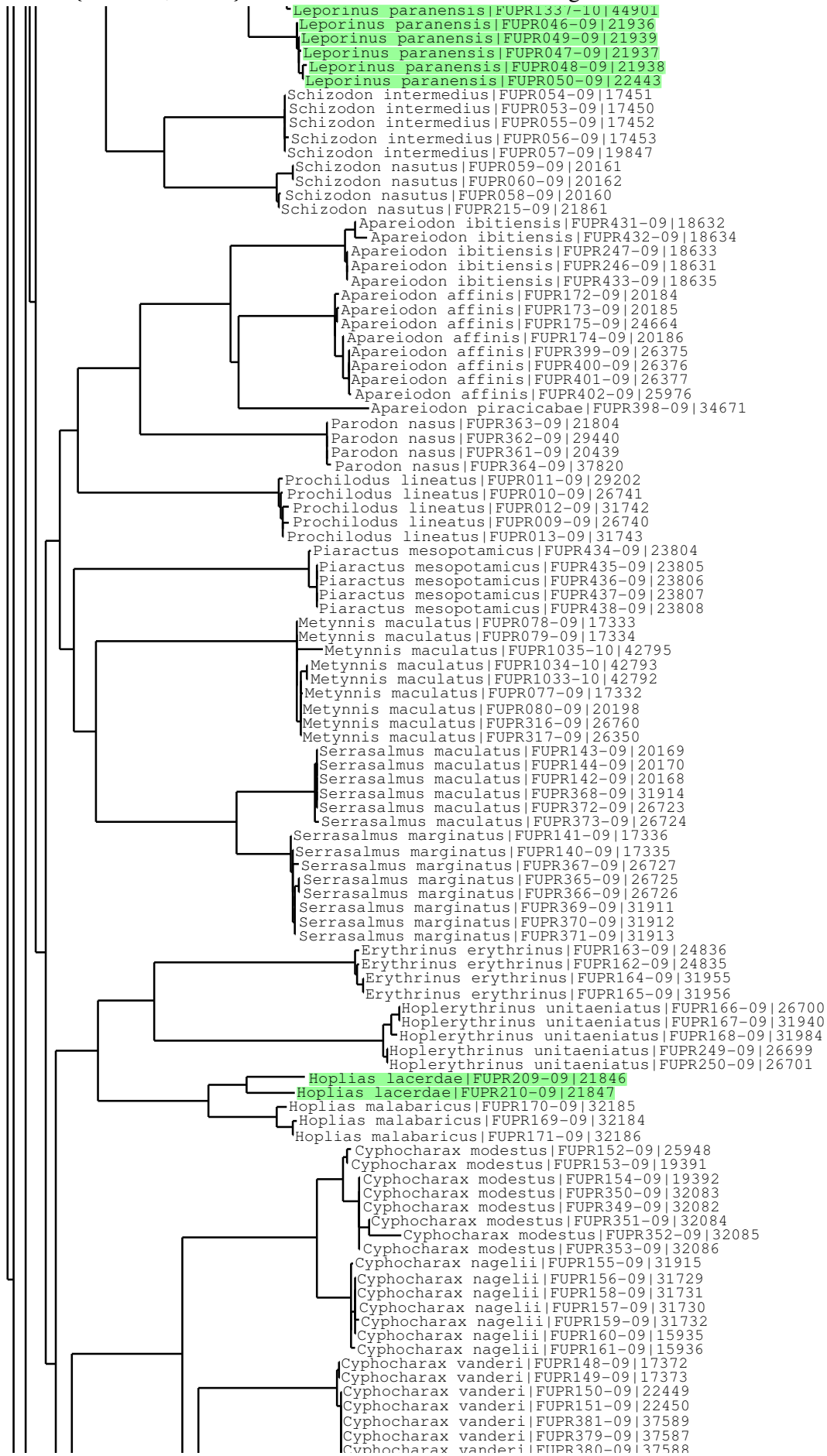
```

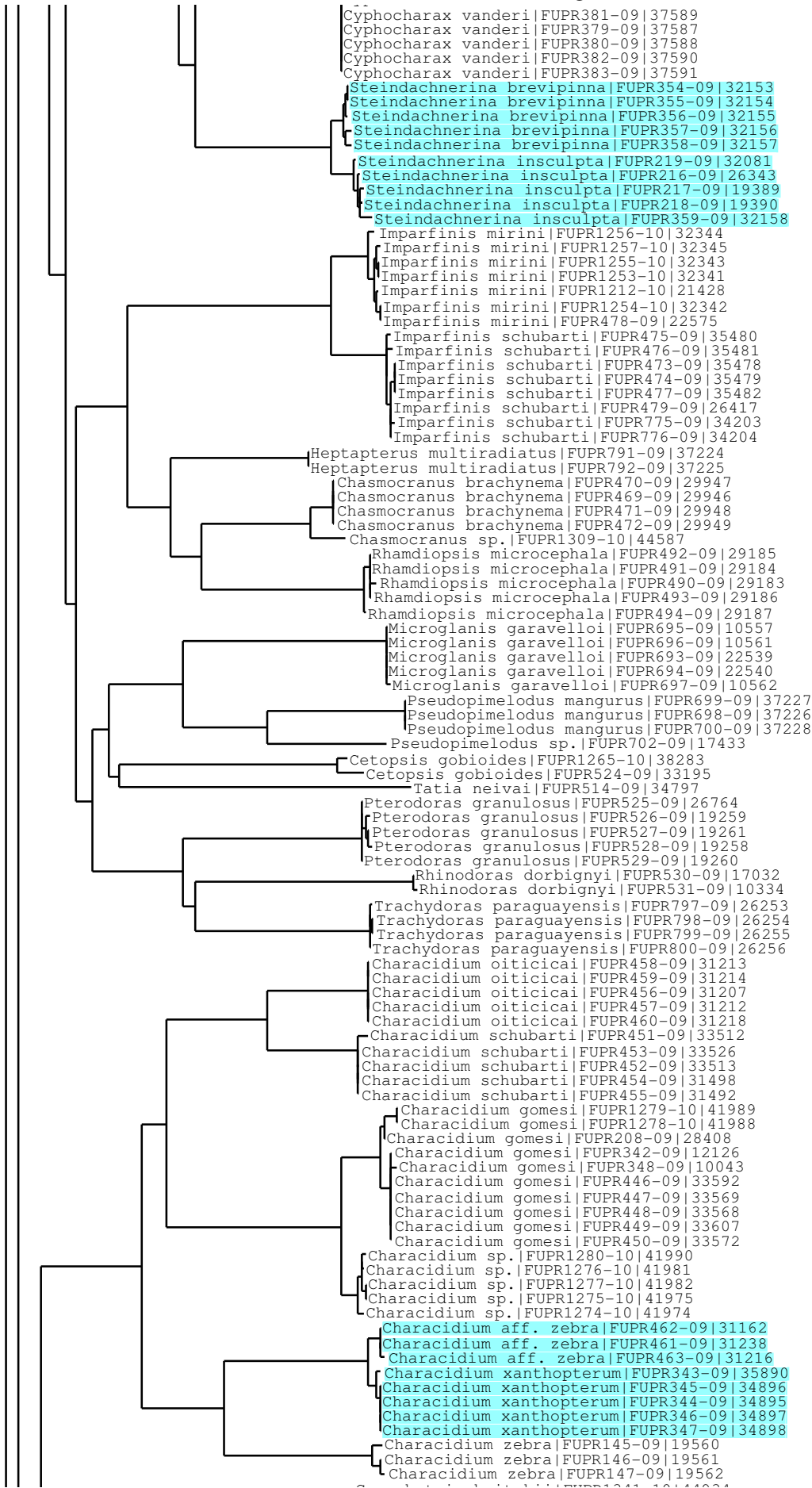



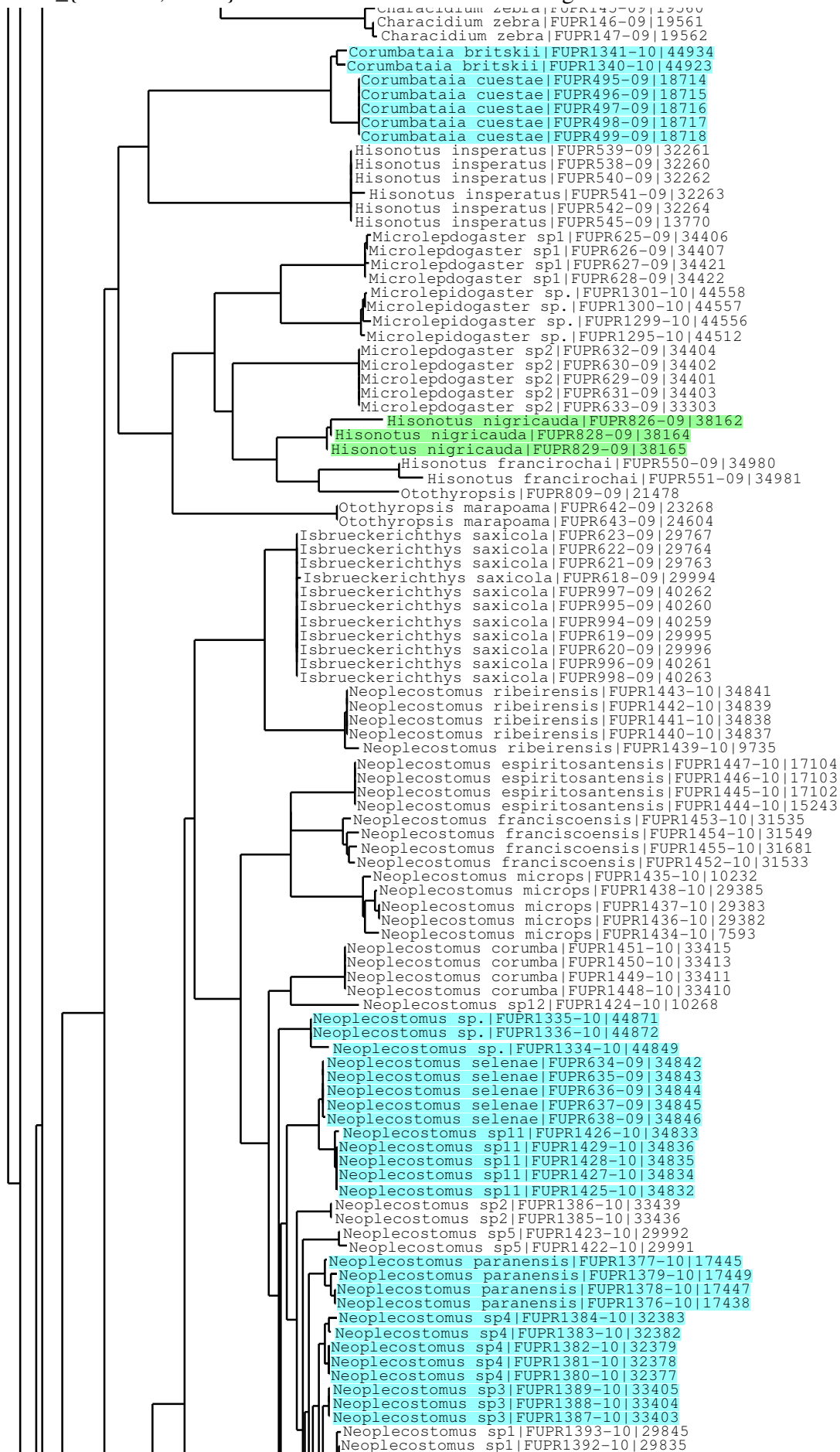


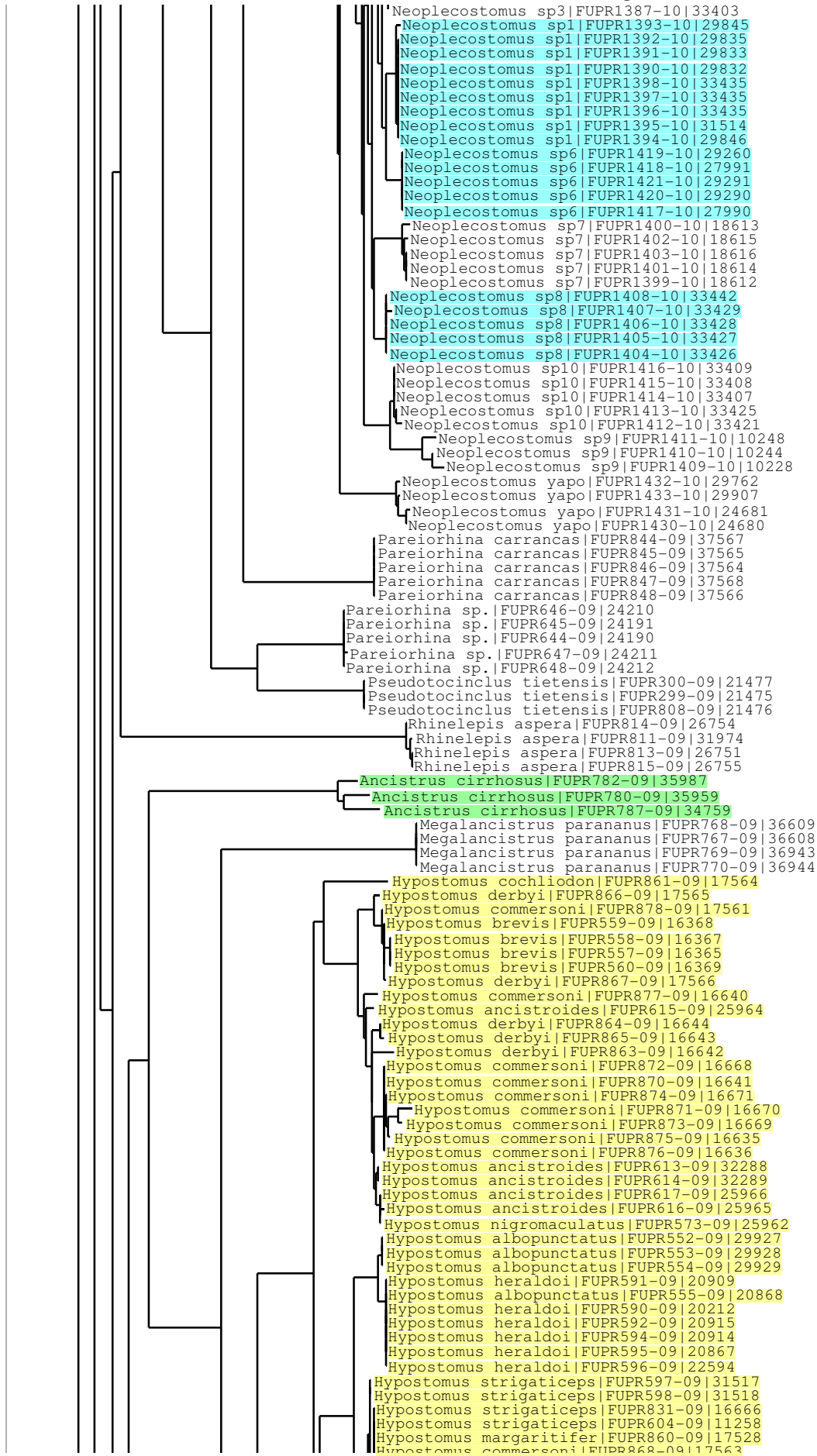


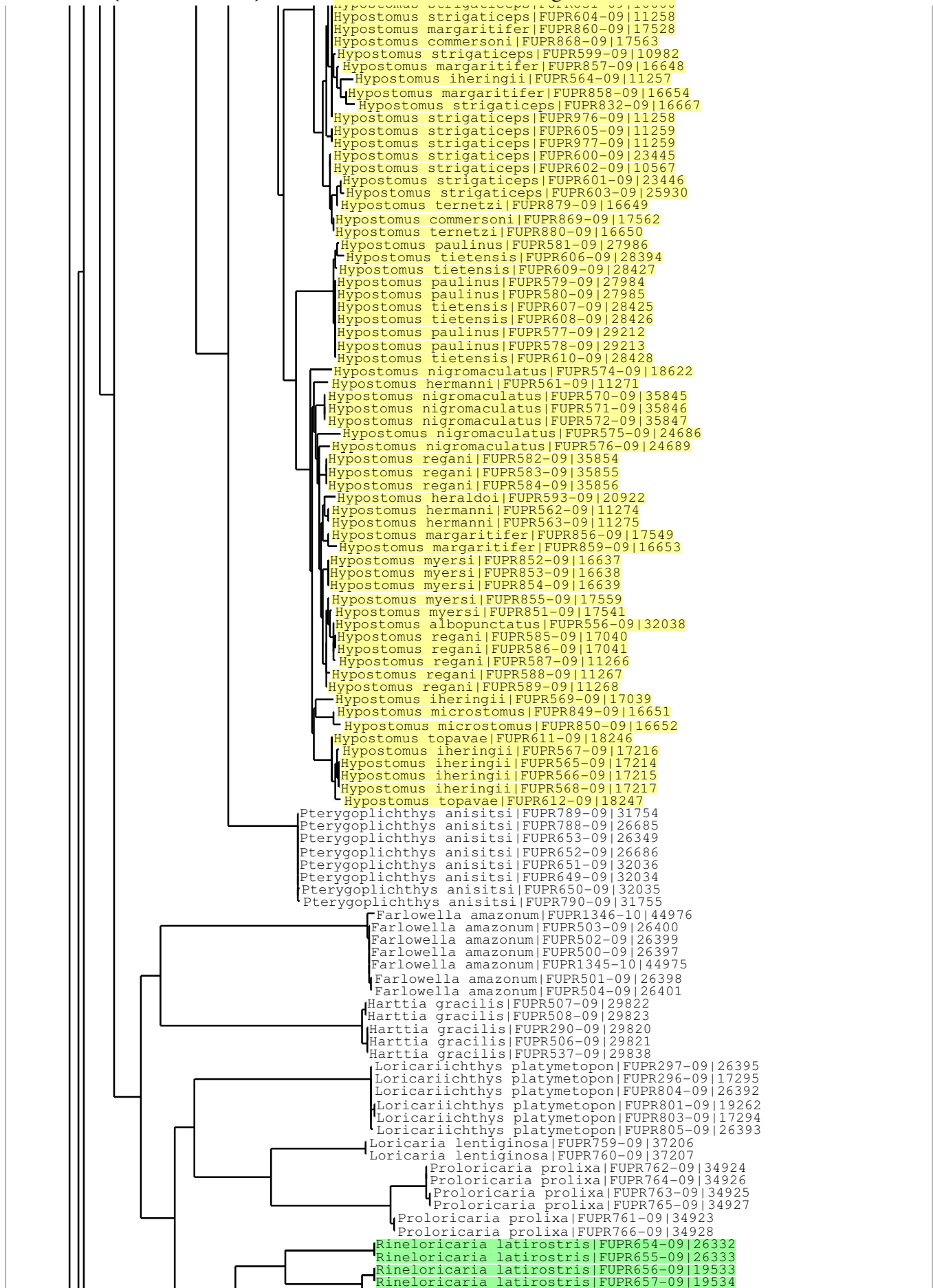


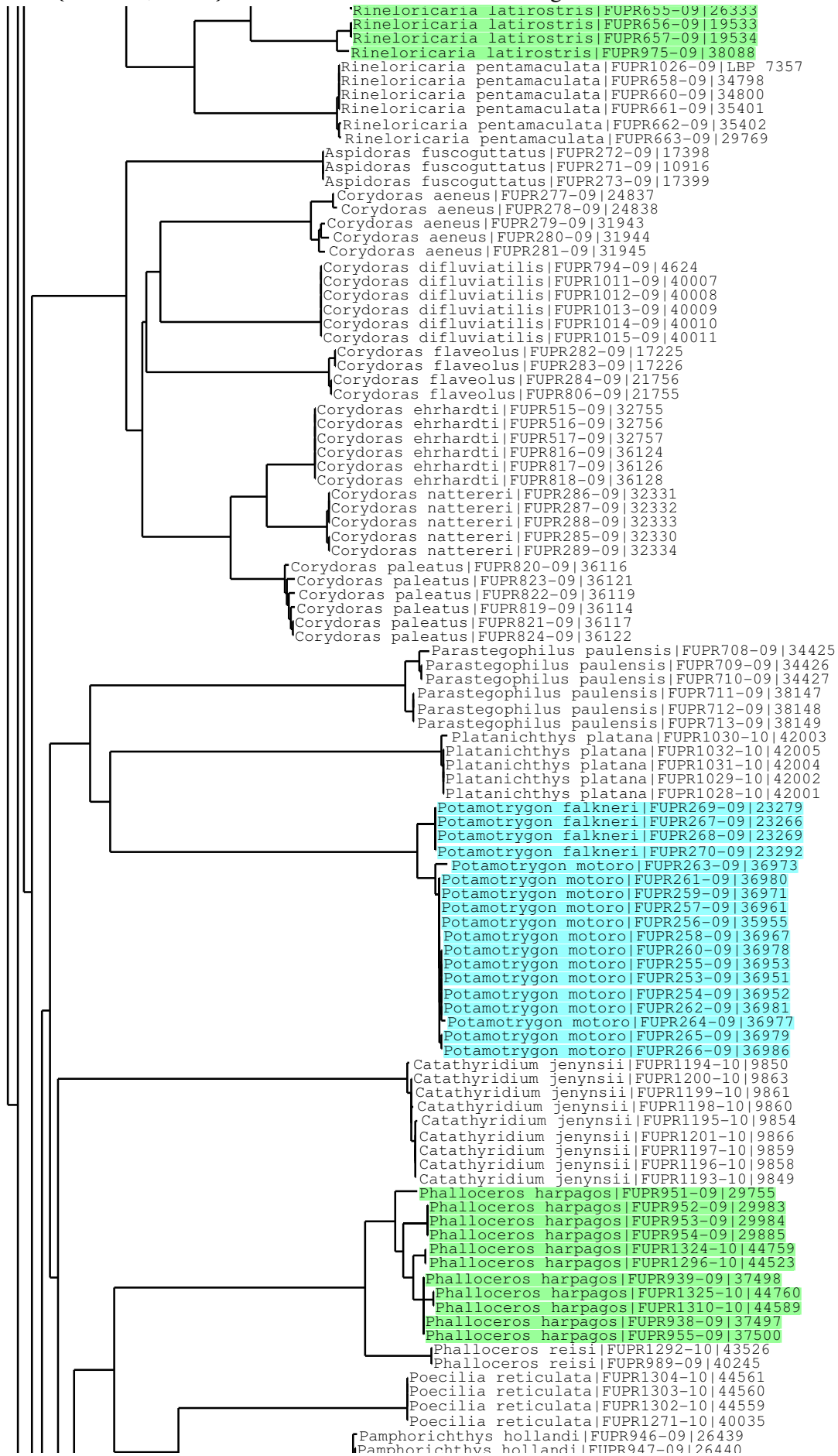


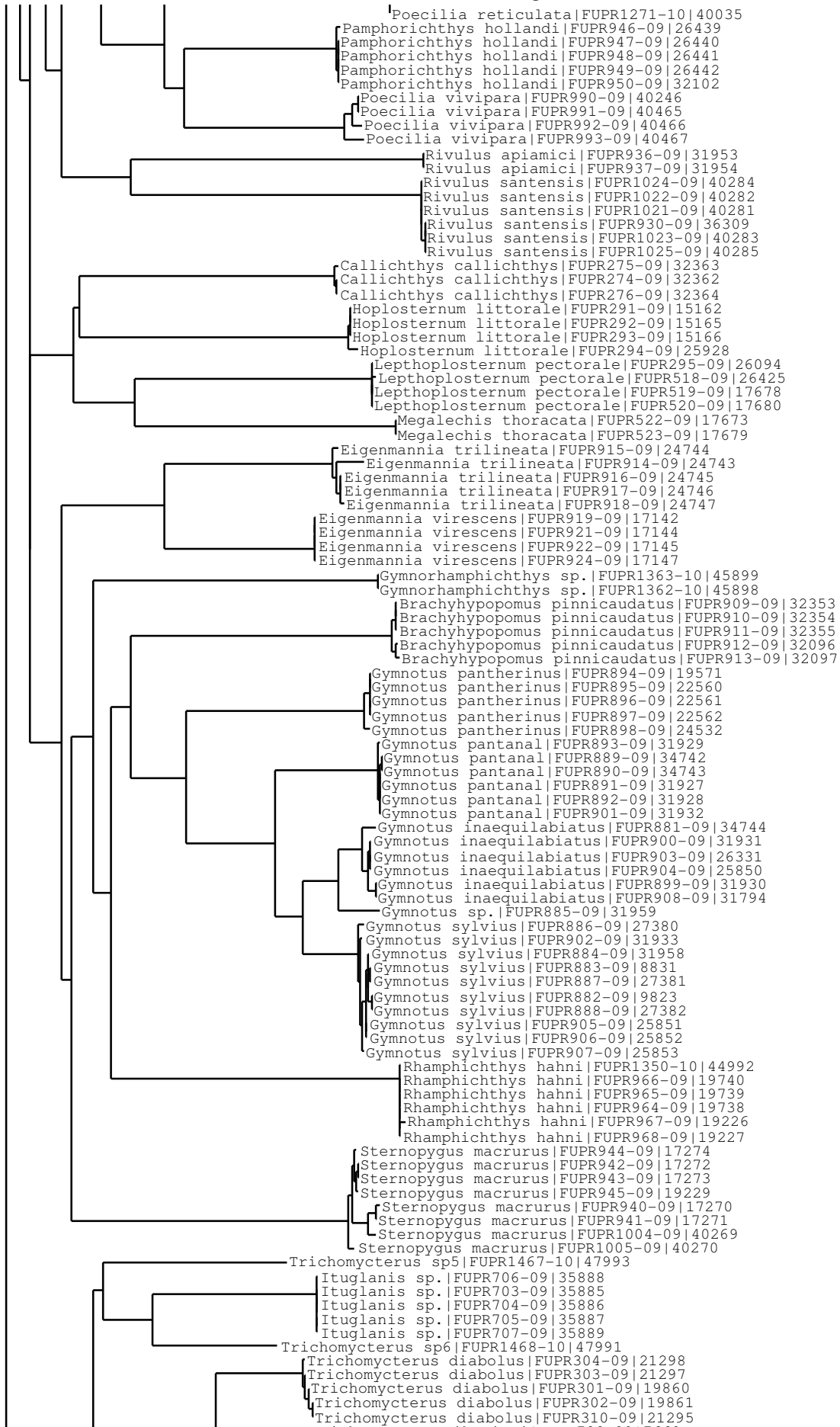


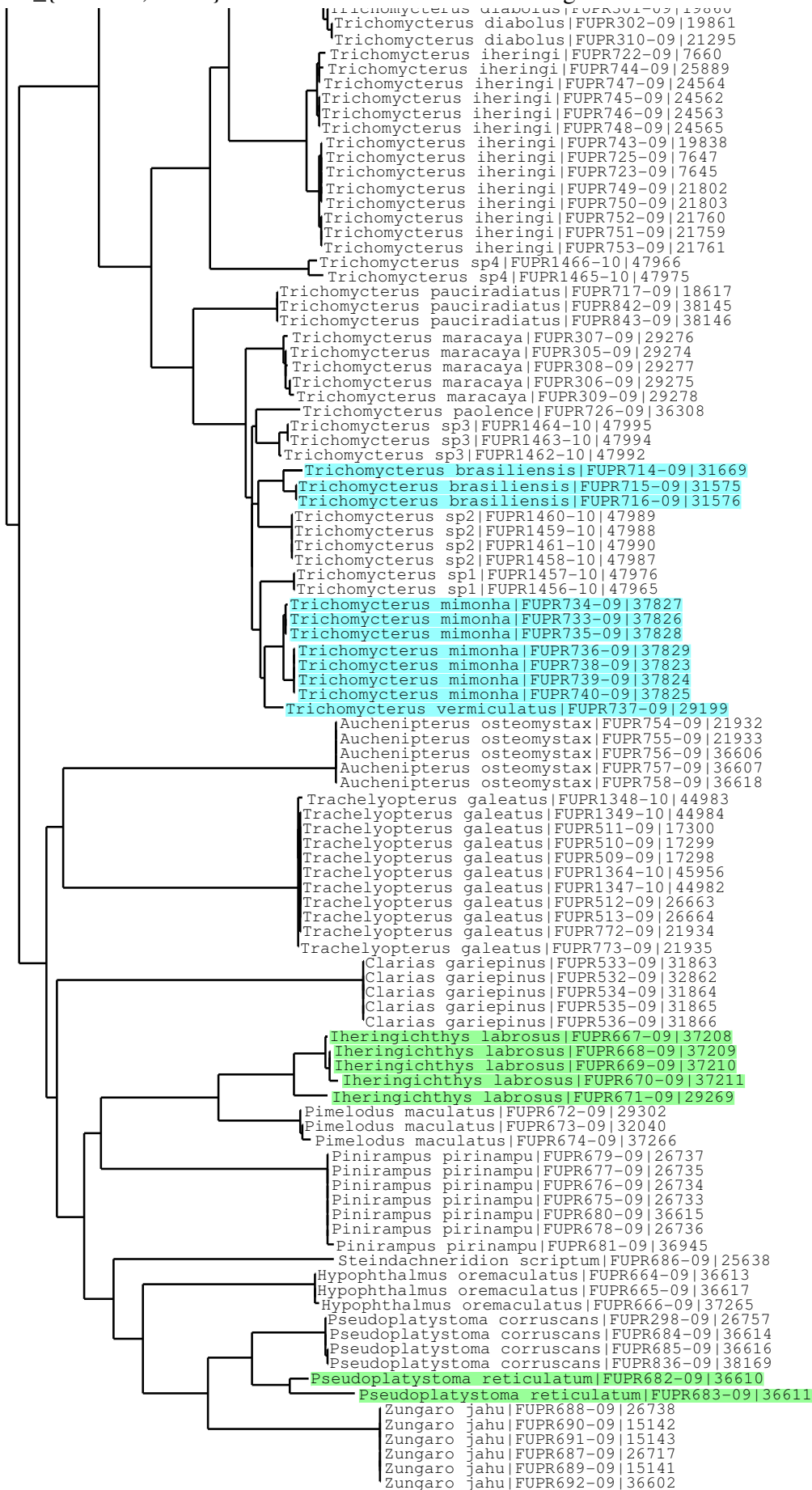












ANEXO 4

Artigo submetido para publicação na revista *Mitochondrial DNA* (ISSN: 1940-1736) sob processo GDNA-2010-0047.R1.

DNA BARCODING REVEALS HIDDEN DIVERSITY IN THE NEOTROPICAL FRESHWATER FISH *Piabina argentea* (CHARACIFORMES: CHARACIDAE) FROM THE UPPER PARANÁ BASIN OF BRAZIL

LUIZ H.G. PEREIRA^{1*}, MARLON F. PAZIAN¹, ROBERT HANNER², FAUSTO FORESTI¹, CLAUDIO OLIVEIRA¹

¹Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu, São Paulo, Brazil, and ²Biodiversity Institute of Ontario and Department of Integrative Biology, University of Guelph, Ontario, Canada

*Correspondence author: Luiz H. G. Pereira, Dept. de Morfologia, Instituto de Biociências, UNESP, Distrito de Rubião Junior S/N, Rubião Júnior, Botucatu, SP, Brazil, CEP 18.618-000. Phone/Fax: +55 14 3811-6264. Email: luizhgp@ibb.unesp.br.

Keywords: DNA barcode, Neotropical region, Freshwater fishes, COI, CytB, mtDNA

Running title: Hidden diversity in *Piabina argentea* revealed by Barcoding.

ABSTRACT

We analyzed a small and wide geographically distributed Neotropical freshwater fish, the *Piabina argentea* from the Upper Paraná Basin, to check the hypothesis that this species is composed of more than one biological unit, since it has a limited dispersion, through the DNA barcode technique. Partial mitochondrial COI and CytB gene sequences were obtained for 58 specimens drawn from 13 localities. Phylogenetic analysis revealed six major clusters of *P. argentea*. K2P genetic divergences among these six *P. argentea* clusters ranged from 2% to 5.6% and from 2.3% to 5.4% for COI and CytB genes, respectively, and these values were on average approximately 9 times greater than intra-cluster K2P divergences. F_{ST} index among clusters showed very high values and the haplotype network analysis displayed seven unconnected units. These results reinforce the hypothesis that the widely distributed *P. argentea* species concept as currently conceived actually represents more than one species (possibly six). These results demonstrate the efficacy of DNA barcoding for the discovery

of hidden diversity in Neotropical freshwater fishes and we conclude that barcoding is a useful tool for alpha taxonomy.

INTRODUCTION

The Neotropical freshwater fish fauna is one of the richest in the world (Schaefer, 1998), with about 6,000 species recognized in this region, out of which 4,475 are actually considered valid and 1,550 are recognized but not described yet (Reis et al., 2003). In Brazil, there are about 2,587 valid species and many others to be described (Buckup et al., 2007), but even so, the sampling of species is insufficient and many regions remain almost unexplored (Langeani, 2006; Junk, 2007). Schaefer (1998) estimates there may be as many as 8,000 species in the Neotropical region. For example, in a recent study of the fish fauna from the Upper Paraná Basin, the best studied region in Neotropical area, Langeani et al. (2006), made an inventory, which revealed that about 15% (~50) represent new species. Many other works pointed that the number of fish species tends to increase mainly among those fish belonging to small sized groups and that inhabit headwaters streams (Schaefer, 1998; Vari & Malabarba, 1998; Langeani et al., 2006; Castro, 2003, 2004, 2005). Additionally, the geographic distribution pattern of the Neotropical fish species is very complex, with some species having a very restricted distribution (e.g. *Trichomycterus maracaya*, *Characidium xanthopteron*) occurring mostly in headwaters and others having a wide distribution (e.g. *Hoplias malabaricus*, *Astyanax paranae*) sometimes occurring in more than one hydrographic basin (Reis, 2003; Junk, 2007).

The genus *Piabina*, composed by small fishes (~50 mm), belongs to the family Characidae but its relationship with the remaining characids is uncertain (Lima et al., 2003). Two species are assigned to *Piabina*, *P. argentea* Reinhardt, 1867 and *P. anhembi* da Silva & Kaefer, 2003. *P. argentea* has a wide geographic distribution occurring in the Upper Paraná Basin (the same region of this work), in the São Francisco Basin (type-locality) and in the Itapirucu, Paraíba do Sul, and Itapemirim rivers (eastern Brazilian basins) (Vari & Harold, 2001). *P. anhembi* is restricted to its type-locality (Upper Tietê River, Salesópolis, São Paulo, Brazil) (da Silva & Kaefer, 2003). These two species differ from each other by the teeth position, head size and mouth proportions (da Silva & Kaefer, 2003). *Piabina* differs from its putative sister group, *Creagrutus*, only by two subtle characters, the fourth infraorbital bone morphology and the teeth position (Vari & Harold, 2001). *Creagrutus* and *Piabina* were allopatric (Vari & Harold, 2001) until the discovery of a new *Creagrutus* species in the Upper Paraná River Basin (Ribeiro et al., 2004). The *Piabina* species populations have a limited dispersion, usually living in a restricted hydrographic region (Lowe-McConnell, 1999). Castro (1999) suggests a limited dispersion to small fishes, which restricts their geographical distribution and may to facilitate the population geographical subdivision enabling the possible creation of new species by geographic isolation (allopatry).

The advance of molecular techniques has proven a useful tool in biodiversity studies, mainly in those cases where the traditional tools are insufficient or unable to identify species. The use of genetic techniques has revealed that some species are actually species complexes (Agostinho et al., 2007).

Bickford et al. (2006) showed that there has been an increased recognition of cryptic species from different groups of animals and plants in the last two decades due to the use of molecular methods. Hebert et al. (2003) proposed the DNA barcoding technique as a useful molecular tool for the identification of species and many published works have shown the efficacy of this methodology for the identification of several organisms (Hebert et al., 2004a; Ward et al., 2005; Clare et al., 2007; Kelly et al., 2007; Hubert et al., 2008; Valdez-Moreno et al., 2009). Hebert et al. (2004b) proposed a threshold to delimit species that are 10X larger than the intra-specific average values. New species have been proposed with DNA barcoding data and some of these species have been formally described later (Ward et al., 2008; Ward, 2007; Smith et al., 2005; Nguyen & Seifert, 2008; Yassin et al., 2008 and Witt et al., 2006).

Considering the wide distribution and limited dispersion of small fish *P. argentea* and the promising use of DNA barcodes for flagging new species, the present work assessed samples of *P. argentea* from the Upper Paraná and São Francisco basins to check the hypotheses that this species could represent more than one biological unit.

MATERIAL AND METHODS

Specimens collection

Fifty-three *P. argentea* specimens from 12 sites located in the Upper Paraná Basin and one in the São Francisco Basin and five *P. anhembi* specimens from the Upper Paraná River Basin were collected (Table 1 and Figure 1). The Velhas River in the São Francisco Basin was sampled because this is the type locality of *P. argentea*. Additionally, two *Creagrutus* specimens from the Paraguay River Basin were used as outgroup (Table 1). All specimens had a fresh fragment tissue removed and preserved in absolute ethanol at -20°C. Voucher specimens were deposited in the collection of Laboratório de Biologia e Genética de Peixes (LBP), Departamento de Morfologia, Instituto de Biociências, UNESP, Botucatu, São Paulo, Brazil. The specimens' provenance data were deposited in BOLD Project EFUPR (Ratnasingham and Hebert, 2007).

Extraction, PCR, and sequencing

Total genomic DNA was isolated from fin or muscle tissue of each specimen using the DNeasy Tissue Kit (Qiagen) according to the manufacturer's instructions. The partial mitochondrial Cytochrome C Oxidase subunit I gene (COI ~648 pb) was amplified by the polymerase chain reaction (PCR) using two sets of primers: FishF1 – 5' TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC3'; FishF2 – 5' TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC3'; FishR1 – 5' TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA3' and FishR2 – 5' ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA3' (Ward et al., 2005). The whole Cytochrome B (CytB - ~1118 pb) mitochondrial gene was amplified by PCR using the CytB-F – 5' GACTTGAAAAACCAAYCGTTGT3' and CytB-R – 5' GCTTTGGGAGTTAGDGGTGGGAGTTAGAATC3' (C. Oliveira – personal communication). PCR was carried out on a thermocycler (Veriti® 96-Well Thermal Cycler, Applied Biosystems) with a final volume of 12.5 µl containing 0.3 µl of dNTP (2 mM), 1,25 µl 10X Taq buffer (50 mM KCl, 10 mM Tris-

HCl, 0.1% TritonX-100 and 1.5 mM MgCl₂), 0.3 µl of each primer (10 µM), 0.7 µl of MgCl₂ (50 mM), 0.05 µl of *Taq-Pht* DNA polymerase (5 U), 1 µl of template DNA (10-20 ng) and ultrapure water. The thermocycler conditions to amplify the COI were initial denaturation at 95°C for 5 min followed by 30 cycles of denaturation at 95°C for 45 s, annealing at 55°C for 30 s, and extension at 72°C for 60 s. A final extension at 72°C for 10 min was performed. The thermocycler conditions to amplify the CytB were initial denaturation at 95°C for 5 min followed by 2 cycles of denaturation at 95°C for 30 s, annealing at 55°C for 45 s, and extension at 72°C for 60 s; 2 cycles of denaturation at 95°C for 30 s, annealing at 50°C for 45 s, and extension at 72°C for 60 s; 2 cycles of denaturation at 95°C for 30 s, annealing at 48°C for 45 s, and extension at 72°C for 60 s; 25 cycles of denaturation at 95°C for 30 s, annealing at 50°C for 45 s, and extension at 72°C for 60 s, and a final extension at 72°C for 5 min. Amplified products were checked on 1% agarose gels stained with Blue Green Loading Dye I (LGC Biotechnologia). The PCR products were purified with ExoSap-IT[®] (USB Corporation) following the manufacturer's protocol. The purified PCR product was used as template to sequence both DNA strands. The cycle sequencing reaction was carried out using a BigDye[™] Terminator v.3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction kit (Applied Biosystems) in a final volume of 7 µl contained 1.4 µl of template, 0.35 µl of primer (10 µM), 1.05 µl of buffer 5X, 0.7 µl of BigDye mix and water. The cycle sequencing conditions were initial denaturation at 96 °C for 2 min followed by 30 cycles of denaturation at 96°C for 45 s, annealing at 50°C for 60 s, and extension at 60°C for 4 min. The PCR sequencing products were purified with EDTA/sodium acetate/alcohol following the protocol suggested in a BigDye[™] Terminator v.3.1 Cycle Sequencing kit's manual (Applied Biosystems). All samples were sequenced on an ABI3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) following manufacturer's instructions. All sequences were deposited in the GenBank and in the Barcode of Life Data Systems (Project EFUPR) (Table 1).

Data analysis

All sequences were analyzed using SeqScape[®] software v2.6 (Applied Biosystems) to obtain the consensus sequences and check the occurrence of deletions, insertions and stop-codons. The sequences were aligned using the online version of MUSCLE (Edgar, 2004). The genetic distance among and within observed clusters were calculated using the K2P distance model (Kimura, 1980) for both genes separately. A neighbor-joining (NJ) tree of K2P distances using the combined COI and CytB sequences was created to provide a graphic representation of the relationships among specimens and clusters with the software MEGA 4.0 (Tamura et al., 2007). *Bootstrap* resampling (Felsenstein, 1985) was applied to assess the support for individual nodes using 1000 pseudoreplicates.

Phylogenetic analyses using maximum-parsimony (MP) were performed using PAUP* version 4.0b10 (Swofford, 2002) with heuristic searches, random addition of sequences, and TBR (tree bisection and reconnection) algorithmic. The ACCTRAN optimization method was utilized. The parsimonious trees were constructed using 1:1 Ti/Tv. Clusters robustness was assessed using 1000 bootstrap (Felsenstein, 1985) pseudoreplicates with the same parameters cited above.

The seven major clusters obtained were considered as different units for the F_{ST} index calculation, which using Arlequin 3.11 (Excoffier et al., 2005). A statistical parsimony network was constructed using TCS 1.21 (Clement et al., 2000), which employs the method of Templeton et al. (1992) with a statistical confidence interval of 90%. The analyses were carried out in TCS 1.21 using the “fix connection limit at” option to obtain the mutational steps necessary to connect the seven haplotype networks observed. The ancestral haplotype was also identified using TCS 1.21 according to the method of Castelleo & Templeton (1994).

RESULTS

Sequence Data

Sequence data for a 648 bp fragment of COI and 1118 pb of CytB were obtained for a total of 58 *Piabina* specimens (53 *P. argentea* and five *P. anhemi*). We also obtained the COI and CytB sequences from two specimens of *Creagrutus* used as outgroup. No sequences showed insertions, deletions or stop-codons and the global transition/transversion (Ti/Tv) ratio was 4.4. A total of 233 nucleotides (72 in COI and 161 in CytB) were variable in the data set of *Piabina* specimens (~13% - outgroup not considered) and 209 of them were informative in the parsimony analyses. These variations defined a total of 42 haplotypes (COI and CytB displayed 28 and 39 haplotypes, respectively). The two methods of tree construction (NJ and MP) resulted in the same topology (except for some internal taxa in the subclusters; data not shown), which showed seven major clusters with high support values (Figure 2). *P. anhemi* samples formed one cluster and *P. argentea* samples were divided into six clusters, one corresponding to the sample from the São Francisco River Basin (cluster C), and five clusters representing *P. argentea* samples from the Upper Paraná Basin (Figure 2). These seven clusters are divided in two major groups, one contains the cluster A and a second group with the others clusters (Figure 2). We use two different methodology of tree construction to check the robustness of the data.

The inter-cluster K2P genetic distance values ranged from 2% (clusters DxE) to 5.6% (clusters AxC) and from 2.3% (clusters BxC) to 5.4% (clusters AxE) for COI and CytB, respectively (Table 2). The average intra-cluster K2P distance ranged from 0% to 0.9% (average = 0.36%) for COI and from 0.1% to 1% (average = 0.5%) for CytB (Table 2).

Cluster comparisons

The pairwise F_{ST} index among the seven clusters identified showed values from 0.77 to 0.98 for COI and from 0.66 to 0.96 for CytB, all highly significant ($p < 0.001$) (Table 3).

The haplotype network based on Templeton's method (Templeton, 1992) with the combined data set (COI/CytB) displayed seven unconnected networks, one represents *Piabina anhemi*, and the others six represent *P. argentea* (Figure 3). This result is consistent with the seven clusters identified through the phylogenetic analysis (Figure 2). The number of haplotypes present in each network range from three (cluster E) to 11 (cluster A) (Figure 3) and the number of mutational steps necessary to connect the independent *P. argentea* networks ranged from 45 to 110 (dashed lines – Figure 3).

The haplotype network was constructed for each separate gene to check if the same seven unconnected networks would be obtained. Both genes displayed the same result with 14 to 34 (COI) and 25 to 71 (CytB) mutational steps, necessary to connect the independent networks (networks not shown).

DISCUSSION

The specimens of *Piabina* were divided into seven clusters in the phylogenetic analysis, one cluster represented *P. anhembí* and the six others represented *P. argentea* (Figure 2). The data showed the absence of genetic flow among local samples and permit to suggest that *P. argentea* represents six different biological units (meaning a minimum of five new species). These seven clusters were confirmed by haplotype network (Figure 3) and they are divided into two major groups (Figure 2). The first group contains the cluster A and is the sister group of the second group, composed by the remaining clusters, including *P. anhembí* (Figure 2). The average inter-cluster K2P values among *P. argentea* were about 9X greater than the average intra-cluster values found for the COI (from 5.6 to 15.6X) and CytB genes (from 4.6 to 10.8X) (Table 2) and the inter-cluster values among the *P. argentea* units were similar to the values between *P. argentea* clusters and their congeners *P. anhembí* (average = 3.0% and 3.8%, COI and CytB, respectively) reinforcing the hypothesis of the existence of more than one biological unit for *P. argentea* (Table 2). These results corroborate the hypothesis of limited dispersion for *Piabina* species (Lowe-McConnell, 1999) and others small fishes (Castro, 1999), which facilitate the population geographical subdivision enabling the possible creation of new species by geographic isolation (allopatry).

Hebert et al. (2004b) suggested a threshold to delimit species with DNA barcode data. These values should be at least 10X the average intraspecific values. The average intra-cluster values of the six *P. argentea* clusters were 0.4% and 0.56% for COI and CytB, respectively and some inter-cluster divergences within *P. argentea* are slightly below this limit (see Table 2). However, a recent review of “barcoded” fishes (Ward, 2009) noted that about 17% of the genetic divergence values among congeneric species were less than 3% divergent and that a further 3.7% of congeners are less than 1% divergent. The author suggests that if the unknown specimen is more than 2% divergent from de known specimen, it is very likely that this is a different species with a probability greater than 95%. Hence, the threshold limit proposed by Hebert et al. (2004b) as an indicator of cryptic speciation should be carefully analyzed for each group.

Ward et al. (2007), working with sharks of the genus *Squalus*, observed the formation of two clusters in the species *Squalus acanthias*, which showed a genetic divergence of just 0.76% between them. Interestingly, these two groups had been considered as two species until the decade of 1960: *S. acanthias* from the Atlantic and South Pacific Oceans, and *S. suckkeyi* from the North Pacific Ocean (see Jensen, 1966). The authors suggested the revalidation of the second species. The comparison with values among congener species may be useful for the delimitation of a threshold. Ornelas-Garcia et al. (2008), working with species of the genus *Astyanax* from Mesoamerica, found that some specimens formed separate clusters and suggested the occurrence of a species complex in this

genus, assigning provisional names to each cluster obtained. Ward et al. (2008), working with Asian sea bass *Lates calcarifer* specimens from different localities (Australia and Myanmar), found genetic distance values of 9.5% between two groups for COI (DNA barcode region) and 11.3% for CytB. The authors suggested the existence of two species. The average divergence value of “barcoded” congeneric fishes is about 8.4% (Ward, 2009). Values smaller than this average, such as those observed in the present work and in the above cited papers, can be explained in two ways: the rate of evolution can vary among different higher taxa and, consequently, the accumulation of substitutions can vary. In fact, it has been observed that different teleost orders have different evolutionary rates (Krieger & Fuerst, 2002). Another possible explanation could relate to species ages, where evolutionarily ‘young’ species may not have had sufficient time to accumulate many mutations in their barcodes. In fact, Montoya-Burgos (2003), working with species of *Hypostomus* from South America, suggested that the process of divergence and radiation in this genus dates back to sometime between 12 and 4 million years ago. Hubert et al. (2007), working with *Serrasalmus* and *Pygocentrus* from South America, encountered similar values suggesting species separation dates back to sometime between 8 and 2 million years ago. Both authors suggested that this pattern be valid for most Neotropical freshwater fishes. In their studies of *Rhamdia* and *Synbranchus* fish species, Perdices et al. (2002, 2005) has proposed similar patterns for Mesoamerica and Ornelas-Gacia et al. (2008) corroborated the same patterns for *Astyanax*. With increasing recognition that mitochondrial DNA is under strong selection some authors caution against the use of mtDNA data for dating divergence events, but this caveat notwithstanding, recognize that selective sweeps can be beneficial for barcoding (Galtier et al., 2009). Molecular clock approaches that infer age of the most recent common ancestor tend to be overestimated using mtDNA unless they correct for apparent rate differences between short and long-time-frames (Rand, 2008).

The intercluster analysis performed confirmed the presence of seven dissimilar barcode sequence clusters among the *Piabina* specimens examined. The haplotypes networks obtained using the combined data set (Figure 3) and those for each gene separately (data not shown) displayed seven unconnected networks with high numbers of mutational steps (ranged from 45 to 110 – Figure 3) necessary to connect these independent networks. This situation is not expected when the specimens represent a single species (Hart and Sunday, 2007), even when there is very strong structure among populations. Some pairs of *P. argentea* clusters need more mutational steps than others to connect with their congener *P. anhembi* species (Figure 3). Thus, these results support the hypothesis that *P. argentea* comprises more than one biological species. Kon et al. (2007), working with the gobioid fish *Schindleria*, obtained an unconnected haplotype network with seven independent clusters and suggested that *Schindleria* represents a species complex, as imparted here.

The F_{ST} index showed very high values among the seven clusters obtained (Table 3) with similar values among *P. argentea* and *P. anhembi* clusters. Considering that F_{ST} values between 0 and 0.05 indicate a low genetic structure, values between 0.05 and 0.15, a moderate genetic structure, values between 0.15 and 0.25, a high genetic structure, values above 0.25, a strong genetic structure, and that values close to 1 are usually found among different species (Wright, 1978; Hartl &

Clark, 1997), the values presented in Table 3 strongly suggest that our seven clusters represent different species.

Many species have been discovered with the use of molecular data and some have been formally described later (Ward et al., 2008; Ward et al., 2007; Smith et al., 2005; Nguyen & Seifert, 2008; Yassin et al., 2008; Witt, 2006; Kon et al., 2007) and the DNA barcode has also been utilized as part of the validation and formal description of new fish species such as *Coryphopterus kuna* (Victor, 2007); *Urolophus kapalensis* (Yearsley & Last, 2006); *Brachionichthys australis* (Last et al., 2007); five new species of *Chromis* genus (Pyle et al., 2008), *Dipturus argentinensis* (Diaz de Astarloa et al., 2008) and *Moenkhausia forestii* (Benine et al., 2009). Our data suggest that the widely distributed *P. argentea* species represent more than one biological unit in the Upper Paraná Basin and probably this hypothesis is valid all over the area of occurrence of this species. Interestingly, some clusters were found only in a single locality (C, D, E, F and *P. anhembí*) while others are widely dispersed (A and B) (Figure 1). The fact of cluster A and B are widely dispersed could be a cause of no prior recognition of these possible species, since the area of overlap between them could impede its recognition. Thus, we suggest that a detailed review of *Piabina* be conducted to validate these new species (sensu Padial et al., 2010). On the other hand, we believe that the analysis of many other widely distributed fish species may also disclose news species.

CONCLUSIONS

Our data demonstrate the efficacy of DNA barcoding for discriminating known species and to flag new ones, alone or associated with other genes. Despite the concerns of Hickerson et al. (2006) to the contrary, DNA barcoding revealed the existence of separate taxa with low divergence rate or recent radiation. We also substantiate the use of DNA barcode sequences as part of the formal description of species. These data can be useful when morphological characters are insufficient or weak to define a species and importantly, because they apply to any sex or life stage can help to disambiguate the application of names in future studies.

ACKNOWLEDGMENTS

We are grateful to Renato Devidé and Ricardo Teixeira for their help with the fish collection. Financial support for this study was provided by CNPq and FAPESP.

DECLARATION OF INTEREST

Financial support for this study was provided by Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

REFERENCES

- Agostinho AA, Pelicice FM, Petry AC, Gomes LC, Júlio Jr. HF. (2007). Fish diversity in the upper Paraná River basin: habitats, fisheries, management and conservation. *Aquatic Ecosystem Health & Management* 10(2): 174-186.
- Benine RC, Mariguela TC, Oliveira C. (2009). New species of *Moenkhausia* Eigenmann, 1903 (Characiformes: Characidae) with comments on the *Moenkhausia oligolepis* species complex. *Neotropical Ichthyology* 7(2): 161-168.
- Bickford D, Lohman DJ, Sodhi NS, Ng PKL, Meier R, Winker K, Ingram KK, Das I. (2006). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 22(3): 148-155.
- Buckup PA, Menzes NA, Ghazzi MS. (2007). *Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil*. Rio de Janeiro, Brasil: Museu Nacional.
- Castelloe J, Templeton AR. (1994). Root probabilities for intraspecific gene trees under neutral coalescent theory. *Molecular Phylogenetic Evolution* 3: 102-113.
- Castro RMC. (1999). Evolução da ictiofauna de riachos sul-americanos: padrões gerais e possíveis processos causais. In: Caramashi EP, Mazzoni R, Peres-Neto PR, eds. *Ecologia de Peixes de Riacho – Série Oecologia Brasiliensis*. Rio de Janeiro, Brasil: PPGE-UFRJ, 139-155.
- Castro RMC, Casatti L, Santos HF, Ferreira KM, Ribeiro AC, Benine RC, Dardis GZP, Melo ALA, Abreu TX, Bockmann FA, Carvalho M, Gibran FZ, Lima FCT. (2003). Estrutura e composição da ictiofauna de riachos do Rio Parapanema, sudeste e sul do Brasil. *Biota Neotropica* 3(1). Available at: <http://www.biotaneotropica.org.br/v3n1/pt/abstract?article+BN0170301>. Accessed on 15 July 2010.
- Castro RMC, Casatti L, Santos HF, Melo ALA, Martins LSF, Ferreira KM, Gibran FZ, Benine RC, Carvalho M, Ribeiro AC, Abreu TX, Bockmann FA, Dardis GZP, Stopiglia R, Langeani F. (2004). Estrutura e composição da ictiofauna de riachos da bacia do Rio Grande, no Estado de São Paulo, Sudeste do Brasil. *Biota Neotropica* 4(1). Available at: <http://www.biotaneotropica.org.br/v4n1/pt/abstract?article+BN0170402004>. Accessed on 15 July 2010.
- Castro, RMC, Casatti L, Santos HF, Vari RP, Melo ALA, Martins LSF, Abreu TX, Benine RC, Gibran FZ, Ribeiro AC, Bockmann FA, Carvalho M, Pelicão GZ, Ferreira KM, Stopiglia R, Akama A. (2005). Structure and composition of the stream ichthyofauna of four tributary rivers of the upper Rio Paraná basin, Brazil. *Ichthyological Exploration of Freshwaters* 16(3): 193-214.
- Clare EL, Lim BK, Engstrom MD, Eger JL, Hebert PDN. (2007). DNA barcoding of Neotropical bats: species identification and discovery within Guyana. *Molecular Ecology Notes* 7: 184-190.
- Clement M, Posada D, Crandall KA. (2000). TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* 9: 1657-1659.
- da Silva JFP, Kaefer CC. (2003). Uma nova espécie de *Piabina* Reinhardt, 1867 (Teleostei: Ostariophysi: Characidae) para o alto Rio Tietê, São Paulo, Brasil. *Comun. Mus. Ciênc. Technol. PUCRS, Sér. Zool. Porto Alegre* 16(1): 53-65.
- Diaz de Astarloa JM, Mabragana E, Hanner R, Figueroa DE. (2008). Morphological and molecular evidence for a new species of longnose skate (Rajiformes: Rajidae: Dipturus) from Argentinean waters based on DNA barcoding. *Zootaxa* 1921: 35-46.
- Edgar RC. (2004). MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC Bioinformatics* 5: 113.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S. (2005). Arlequin ver.3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47–50.

- Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.
- Hart MW, Sunday J. (2007). Things fall apart: biological species form unconnected parsimony networks. *Biology Letters* 3: 509-512.
- Hartl DL, Clark AG. (1997). *Principles of Population Genetics*. Sunderland: Sinauer Associates.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc Lond B* 270: 313-321.
- Hebert PDN, Penton EH, Burns JM, Janzen DH, Hallwachs W. (2004b). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrapes fulgerator*. *PNAS USA* 101(41): 14812-14817.
- Hebert PDN, Stoeckle MY, Zemplak TS, Francis CM. (2004a). Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biol* 2: 1657-1663.
- Hickerson MJ, Meyer CP, Moritz C (2006). DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Systematic Biology* 55: 729–739.
- Hubert N, Duponchelle F, Nuñez J, Garcia-Davila C, Paugy D, Renno JF. (2007). Phylogeography of the piranha genera *Serrasalmus* and *Pygocentrus*: implications for the diversification of the Neotropical ichthyofauna. *Molecular Ecology* 16: 2115-2136.
- Hubert N, Hanner R, Holm E, Mandrak NE, Taylor E, Burrige M, Watkinson D, Dumont P, Curry A, Bentzen P, Zhang J, April J, Bernatchez L. (2008). Identifying Canadian freshwater fishes through DNA barcodes. *PLoS ONE* 3(6): e2490.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F. (2001). MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics* 17: 754-755.
- Jensen AC. (1966). Life history of the spiny dogfish. *Fishery Bulletin* 65: 527–554.
- Junk W. (2007). Freshwater fishes of South America: Their biodiversity, fisheries, and habitats – a synthesis. *Aquatic Ecosystem & Management* 10(2): 228-242.
- Kelly RP, Sarkar IN, Eernisse DJ, DeSalle R. (2007). DNA barcoding using chitons (genus *Mopalia*). *Molecular Ecology Notes* 7: 177-183.
- Kimura M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16: 111-120.
- Kon T, Yoshino T, Mukai T, Nishida M. (2007). DNA sequences identify numerous cryptic species of the vertebrate: A lesson from the gobioid fish *Schindleria*. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44: 53-62.
- Krieger J, Fuerst PA. (2002). Evidence for a slowed rate of molecular evolution in the order Acipenseriformes. *Molecular Biology and Evolution* 19: 891–897.
- Langeani F, Castro RMC, Oyakawa OT, Shibatta OA, Pavanelli CS, Casatti L. (2006). Diversidade da fauna do Alto Rio Paraná: composição atual e perspectivas futuras. *Biota Neotropica* 7(3): 181-197.
- Last PR, Gledhill DC, Holmes BH. (2007). A new handfish, *Brachionichthys australis* sp. nov. (Lophiiformes: Brachionichthyidae), with a redescription of the critically endangered spotted handfish, *B. hirsutus* (Lacépède). *Zootaxa* 1666: 53–68.
- Lima FCT, Malabarba LR, Buckup PA, Pezzi da Silva JF, Vari RP, Harold A, Benine R, Oyakawa OT, Pavanelli CS, Menezes NA, Lucena CAS, Malabarba MCSV, Lucena ZMS, Reis RE, Langeani F, Cassati L, Bertaco VA. (2003). Genera *Incertae Sedis* in Characidae. In: Reis RE, Kullander SO, Ferraris CJJr, eds. Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre, Brasil: Edipucrs, 106-168.
- Lowe-McConnell RH. (1999). *Estudos ecológicos de comunidades de peixes tropicais*. São Paulo, Brasil: EDUSP.
- Montoya-Burgos JI. (2003). Historical biogeography of the catfish genus *Hypostomus* (Siluriformes: Loricariidae), with implications on the diversification of Neotropical ichthyofauna. *Molecular Ecology* 12: 1855-1867.

- Nguyen HDT, Seifert KA. (2008). Description and DNA barcoding of three new species of *Leohumicola* from South Africa and the United States. *Personia* 21: 57-98.
- Ornelas-Garcia CP, Dominguez-Dominguez O, Doadrio I. (2008). Evolutionary history of the fish genus *Astyanax* Baird & Girard (1854) (Actynopterigii, Characidae) in Mesoamerica reveals multiple morphological homoplasies. *BMC Evolutionary Biology* 8: 340.
- Padial JM, Miralles A, De la Riva I, Vences M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology* 7:16.
- Perdices A, Bermingham E, Montilla A, Doadrio I. (2002). Evolutionary history of the genus *Rhamdia* (Teleostei: Pimelodidae) in Central America. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 25: 172-189.
- Perdices A, Doadrio I, Bermingham E. (2005). Evolutionary history of the synbranchid eels (Teleostei: Synbranchidae) in Central America and the Caribbean islands inferred from their molecular phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 37: 460-473.
- Posada D, Crandall KA. (1998). MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14: 817-818.
- Pyle RL, Earle JL, Greene BD. (2008). Five new species of the damselfish genus *Chromis* (Perciformes: Labroidei: Pomacentridae) from deep coral reefs in the tropical western Pacific. *Zootaxa* 1671: 3–31.
- Ratnasingham S, Hebert PDN. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes* 7: 355-364.
- Reinhardt JT. (1867). Om trende, formeentligt ubeskrevne Fisk af Characinernes eller Karpelaxenes Familie. Oversigt over der Kongelige danske Videnskabernes Selskabs Forhandling 1866: 49-68.
- Reis RE, Kullander SO, Ferraris C. (2003). Check List of freshwater Fishes of South and Central America. Porto Alegre, Brasil: Edipucrs.
- Ribeiro AC, Benine RC, Figueiredo CA. (2004). A new species of *Creagrutus* Günther (Teleostei: Ostariophysii: Characiformes), from upper Rio Paraná basin, central Brazil. *Journal of Fish Biology* 64: 597-611.
- Ronquist F, Huelsenbeck JP. (2003). MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19: 1572-1574.
- Schaefer SA. (1998). Conflict and resolution impact of new taxa on phylogenetic studies of Neotropical cascudinhos (Siluriformes: Loricariidae). In: Malabarba LR, Reis RE, Vari RP, Lucena ZMS, Lucena CAS, eds. *Phylogeny and classification of Neotropical fishes*. Porto Alegre, Brasil: Edipucrs, 375-400.
- Smith MA, Woodley NE, Janzen DH, Hallwachs W, Hebert PDN. (2005). DNA barcodes reveal cryptic host-specificity within the presumed polyphagous members of a genus of parasitoid flies (Diptera: Tachinidae). *PNAS* 103(10): 3657-3662.
- Swofford DL. (2002). PAUP* - Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods) version 4.0b10. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. (2007). MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0. *Molecular Biology Evolution* 24: 1596–1599.
- Tamura K, Nei M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10: 512-526.
- Templeton AR, Crandall KA, Sing CF. (1992). A cladistic-analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA-sequence data. 3. Cladogram estimation. *Genetics* 132, 619-633.
- Valdez-Moreno M, Ivanova NV, Elías-Gutiérrez M, Contreras-Balderas S, Hebert PDN. (2009). Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. *Journal of Fish Biology* 74: 377-402.

- Vari RP, Harold AS. (2001). Phylogenetic Study of Neotropical Fish Genera *Creagrutus* Günther and *Piabina* Reinhardt (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes), with a Revision of Cis-Andean Species. Smithsonian Contributions to Zoology number 613. Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press.
- Vari RP, Malabarba LR. (1998). Neotropical Ichthyology: an overview. In: Malabarba LR, Reis RE, Vari RP, Lucena ZMS, Lucena CAS eds. Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes. Porto Alegre, Brasil: Edipucrs, 1-11.
- Victor BC. (2007). *Coryphopterus kuna*, a new goby (Perciformes: Gobiidae: Gobiinae) from the western Caribbean, with the identification of the late larval stage and an estimate of the pelagic larval duration. *Zootaxa* 1526: 51–61.
- Ward RD, Holmes BH, Yearsley GK. (2008). DNA barcoding reveals a likely second species of Asin sea bass (barramundi) (*Lates calcarifer*). *Journal of Fish Biology* 72: 458-463.
- Ward RD, Zemlak TS, Innes BH, Last PR, Hebert PDN. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Phil Trans R Soc B* 360: 1847-1857.
- Ward RD. (2007). DNA barcoding discriminates spurdogs of the genus *Squalus*. In: Last PR, White WT, Pogonoski JJ eds. Descriptions of new dogfishes of the genus *Squalus* (Squaloidea: Squalidae). Hobart: CSIRO Marine and Atmospheric Research.
- Ward RD. (2009). DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Molecular Ecology Resources* 9: 1077-1085.
- Witt JDS, Threlloff DL, Hebert PDN. (2006). DNA barcoding reveals extraordinary cryptic diversity in an amphipode genus: implications for desert spring conservation. *Molecular Ecology* 15: 3073-3082.
- Wright S. (1978). *Evolution and the genetics of populations 4: variability within and among natural populations*. Chicago: University of Chicago Press.
- Xia X., Xie Z. (2001). DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution. *J. Heredity* 92: 371-373.
- Yassin A, Capy P, Madi-Ravazzi L, Ogereau D, David JR. (2008). DNA barcode discovers two cryptic species and two geographical radiations in the invasive drosophilid *Zaprionus indianus*. *Molecular Ecology Resources* 8: 491-501.
- Yearsley GK, Last PR. (2006). *Urolophus kapalensis* sp nov., a new stingaree (Myliobatiformes: Urolophidae) off eastern Australia. *Zootaxa* 1176: 41–52.

Table 1 : Specimens data

Cluster	Species name	Voucher Number	Collection Code	Locality State	GPS Lat	GPS Lon	BOLD Process ID	GenBank numbers COI	CyB
A	<i>P. argentea</i>	36233	LBP 7329	Paraná	-25.092	-52.495	FUPR120-09	HM144073	GU908189
A	<i>P. argentea</i>	34659	LBP 7111	Paraná	-23.938	-50.729	FUPR181-09	HM144065	GU908182
A	<i>P. argentea</i>	36235	LBP 7329	Paraná	-25.092	-52.495	FUPR122-09	HM144071	GU908187
A	<i>P. argentea</i>	36234	LBP 7329	Paraná	-25.092	-52.495	FUPR121-09	HM144072	GU908188
A	<i>P. argentea</i>	17229	LBP 2594	São Paulo	-21.013	-49.690	FUPR089-09	HM144104	GU908219
A	<i>P. argentea</i>	25091	LBP 6745	São Paulo	-22.341	-48.935	FUPR102-09	HM144091	GU908207
A	<i>P. argentea</i>	14154	LBP 1996	São Paulo	-22.917	-48.500	FUPR062-09	HM144107	GU908222
A	<i>P. argentea</i>	21305	LBP 3509	São Paulo	-22.941	-48.584	FUPR091-09	HM144102	GU908217
A	<i>P. argentea</i>	25050	LBP 6741	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR101-09	HM144092	GU908208
A	<i>P. argentea</i>	23459	LBP 6741	São Paulo	-23.024	-48.826	FUPR092-09	HM144101	GU908216
A	<i>P. argentea</i>	20764	LBP 6741	São Paulo	-23.024	-48.826	FUPR090-09	HM144103	GU908218
A	<i>P. argentea</i>	25410	LBP 6745	São Paulo	-22.341	-48.935	FUPR108-09	HM144085	GU908201
A	<i>P. argentea</i>	17228	LBP 2594	São Paulo	-21.013	-49.690	FUPR088-09	HM144105	GU908220
A	<i>P. argentea</i>	17227	LBP 2594	São Paulo	-21.013	-49.690	FUPR087-09	HM144106	GU908221
A	<i>P. argentea</i>	29280	LBP 6268	Minas Gerais	-21.285	-46.493	FUPR201-09	HM144056	GU908174
A	<i>P. argentea</i>	29282	LBP 6268	Minas Gerais	-21.285	-46.493	FUPR203-09	HM144054	GU908172
B	<i>P. argentea</i>	25214	LBP 6743	São Paulo	-22.786	-48.481	FUPR238-09	HM144052	GU908170
B	<i>P. argentea</i>	23222	LBP 6743	São Paulo	-22.786	-48.481	FUPR237-09	HM144053	GU908171
B	<i>P. argentea</i>	25219	LBP 6743	São Paulo	-22.786	-48.481	FUPR107-09	HM144086	GU908202
B	<i>P. argentea</i>	22884	LBP 4032	Distrito Federal	-15.115	-47.046	FUPR189-09	HM144063	GU908181
B	<i>P. argentea</i>	23220	LBP 6743	São Paulo	-22.786	-48.481	FUPR109-09	HM144084	GU908200
B	<i>P. argentea</i>	35870	LBP 7280	Goiás	-17.120	-48.740	FUPR192-09	HM144060	GU908178
B	<i>P. argentea</i>	35871	LBP 7280	Goiás	-17.120	-48.740	FUPR193-09	HM144059	GU908177
B	<i>P. argentea</i>	35849	LBP 7680	Goiás	-17.099	-48.762	FUPR191-09	HM144061	GU908179
B	<i>P. argentea</i>	35904	LBP 7292	Goiás	-17.801	-48.372	FUPR115-09	HM144078	GU908194
B	<i>P. argentea</i>	35906	LBP 7292	Goiás	-17.801	-48.372	FUPR117-09	HM144076	GU908192
B	<i>P. argentea</i>	35905	LBP 7292	Goiás	-17.801	-48.372	FUPR116-09	HM144077	GU908193
B	<i>P. argentea</i>	35848	LBP 7680	Goiás	-17.099	-48.762	FUPR190-09	HM144062	GU908180
C	<i>P. argentea</i>	31608	LBP 6513	Minas Gerais	-19.385	-43.659	FUPR113-09	HM144080	GU908196
C	<i>P. argentea</i>	31605	LBP 6513	Minas Gerais	-19.385	-43.659	FUPR110-09	HM144083	GU908199

C	<i>P. argentea</i>	31609	LBP 6513	Minas Gerais	-19.385	-43.659	FUPR114-09	HM144079	GU908195
C	<i>P. argentea</i>	31606	LBP 6513	Minas Gerais	-19.385	-43.659	FUPR111-09	HM144082	GU908198
C	<i>P. argentea</i>	31607	LBP 6513	Minas Gerais	-19.385	-43.659	FUPR112-09	HM144081	GU908197
D	<i>P. argentea</i>	25162	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR103-09	HM144090	GU908206
D	<i>P. argentea</i>	25156	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR097-09	HM144096	GU908211
D	<i>P. argentea</i>	25030	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR093-09	HM144100	GU908215
D	<i>P. argentea</i>	25031	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR094-09	HM144099	GU908214
D	<i>P. argentea</i>	25167	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR106-09	HM144087	GU908203
D	<i>P. argentea</i>	25165	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR104-09	HM144089	GU908205
D	<i>P. argentea</i>	25166	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR105-09	HM144088	GU908204
D	<i>P. argentea</i>	25161	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR099-09	HM144094	GU908209
D	<i>P. argentea</i>	25157	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR098-09	HM144095	GU908210
D	<i>P. argentea</i>	25155	LBP 6744	São Paulo	-23.231	-48.533	FUPR096-09	HM144097	GU908212
E	<i>P. argentea</i>	29240	LBP 6226	Minas Gerais	-21.321	-46.511	FUPR200-09	HM144057	GU908175
E	<i>P. argentea</i>	29239	LBP 6226	Minas Gerais	-21.321	-46.511	FUPR199-09	HM144058	GU908176
E	<i>P. argentea</i>	29281	LBP 6268	Minas Gerais	-21.285	-46.493	FUPR202-09	HM144055	GU908173
F	<i>P. argentea</i>	35934	LBP 7301	Goiás	-18.110	-48.504	FUPR119-09	HM144074	GU908190
F	<i>P. argentea</i>	35933	LBP 7301	Goiás	-18.110	-48.504	FUPR118-09	HM144075	GU908191
F	<i>P. argentea</i>	28396	LBP 5994	Minas Gerais	-21.732	-46.423	FUPR129-09	HM144067	GU908184
F	<i>P. argentea</i>	28394	LBP 5994	Minas Gerais	-21.732	-46.423	FUPR127-09	HM144069	GU908185
F	<i>P. argentea</i>	28393	LBP 5994	Minas Gerais	-21.732	-46.423	FUPR126-09	HM144070	GU908186
-	<i>P. anhembi</i>	23373	LBP 6742	São Paulo	-23.524	-45.890	FUPR236-09	HM144047	GU908165
-	<i>P. anhembi</i>	23360	LBP 6742	São Paulo	-23.524	-45.890	FUPR235-09	HM144048	GU908166
-	<i>P. anhembi</i>	20821	LBP 6742	São Paulo	-23.524	-45.890	FUPR125-09	HM144049	GU908167
-	<i>P. anhembi</i>	23372	LBP 6742	São Paulo	-23.524	-45.890	FUPR124-09	HM144050	GU908168
-	<i>C. meridionalis</i>	35631	LBP 7557	Mato Grosso do Sul	-20.343	-55.726	FUPR188-09	HM144042	GU908160
-	<i>C. paraguayensis</i>	35628	LBP 7557	Mato Grosso do Sul	-20.343	-55.726	FUPR185-09	HM144045	GU908163

Table 2: K2P genetic distance obtained among the seven major *Piabina* clusters. COI below diagonal and CytB above diagonal. The average values of K2P distance intra-clusters were represented in bold on diagonal (COI/CytB).

	A	B	C	D	E	F	<i>P. anhembi</i>
A	0.009/0.010	0.047	0.047	0.042	0.054	0.052	0.048
B	0.042	0.007/0.010	0.023	0.030	0.047	0.050	0.027
C	0.056	0.025	0.003/0.004	0.031	0.053	0.053	0.030
D	0.035	0.021	0.029	0.002/0.002	0.041	0.049	0.025
E	0.048	0.025	0.031	0.020	0/0.005	0.049	0.049
F	0.047	0.039	0.045	0.032	0.036	0.003/0.003	0.051
<i>P. anhembi</i>	0.040	0.025	0.034	0.022	0.028	0.034	0.001/0.001

Table 3: Pairwise F_{ST} index obtained among the seven major *Piabina* clusters. COI gene below diagonal; CytB gene above diagonal.

	A	B	C	D	E	F	<i>P. anhembi</i>
A	-	0.79254	0.84386	0.85336	0.85659	0.86067	0.86193
B	0.80038	-	0.65594	0.77328	0.78754	0.82325	0.70487
C	0.85826	0.76602	-	0.92187	0.91004	0.92957	0.91288
D	0.82645	0.78760	0.92876	-	0.94973	0.96113	0.95335
E	0.83305	0.77467	0.93190	0.93346	-	0.93750	0.95991
F	0.83610	0.84631	0.92541	0.92958	0.93352	-	0.96486
<i>P. anhembi</i>	0.81920	0.79240	0.93925	0.93510	0.97734	0.93127	-



Figure 1: Map showing the distribution of samples of *Piabina*. Letters corresponded to *P. argentea* clusters. Black square represents *P. anhembi* species.

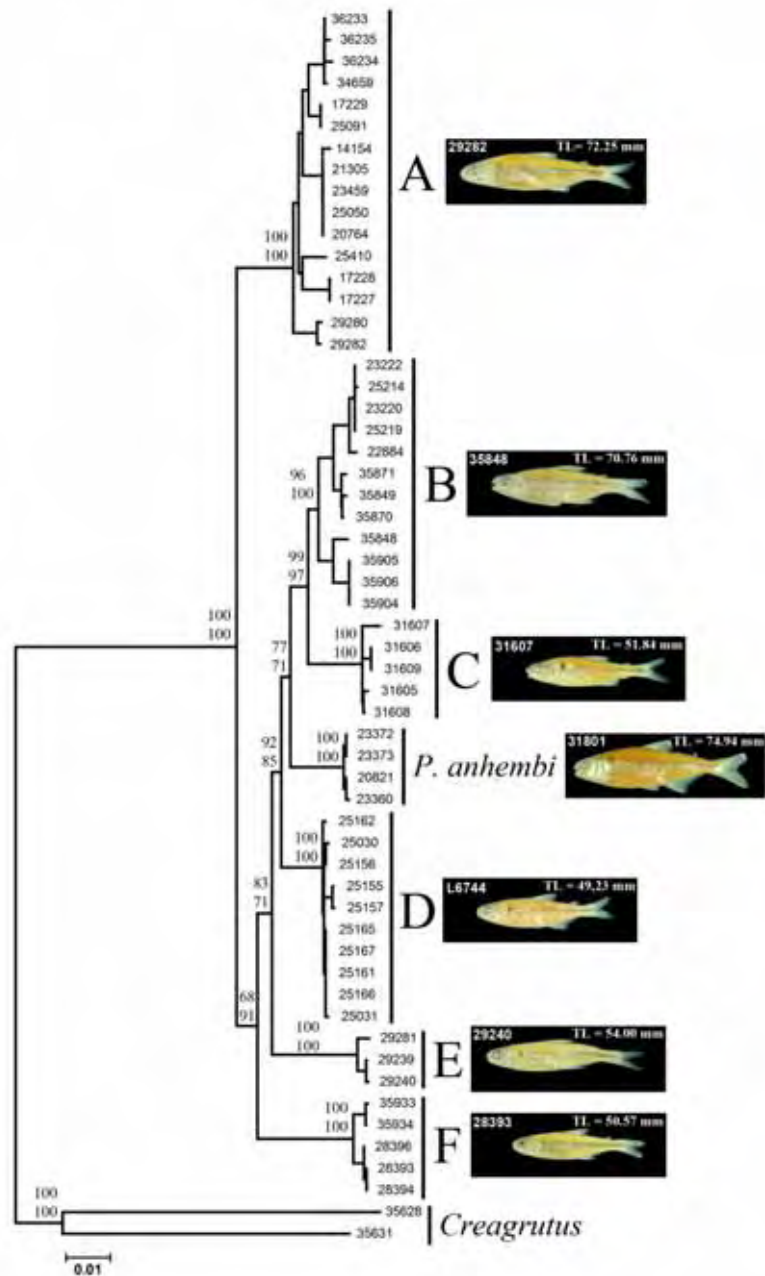


Figure 2: NJ tree of COI/CytB showing the seven major clusters obtained among *Piabina* specimens (A-F represent *P. argentea*). Node values represent statistic support: 1st values – *bootstrap* (1,000 pseudoreplicates) for NJ analysis; 2nd – *bootstrap* (1,000 pseudoreplicates) for Maximum-parsimony analysis. Numbers on fishes represent *voucher* number and size of photographed specimens (left and right, respectively).

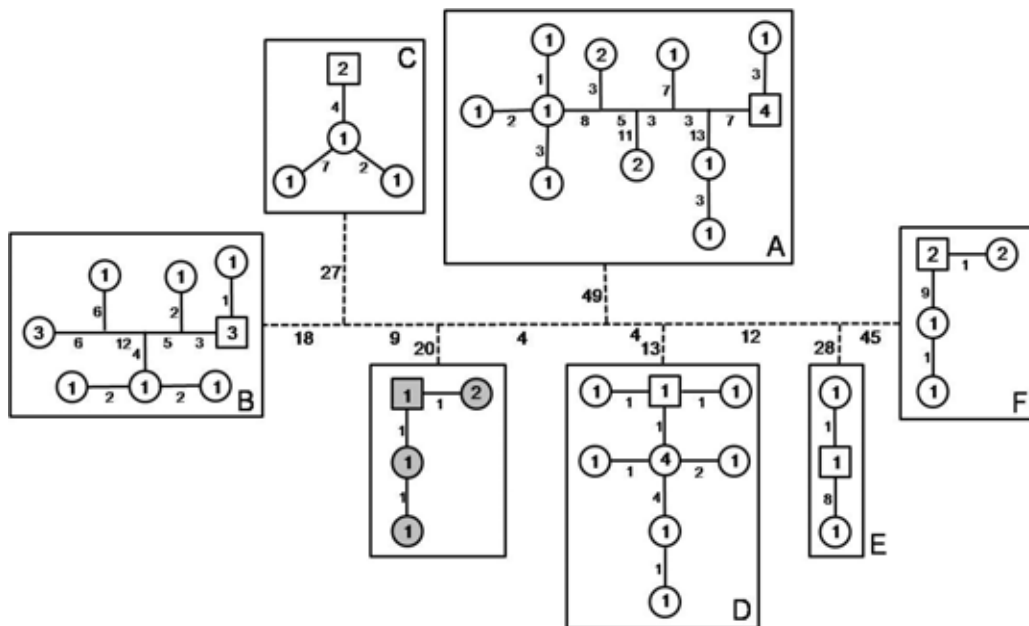


Figure 3: Seven unconnected haplotype networks among *Piabina* specimens. *P. anhembii* is represented in gray. Numbers inside the figures represent specimens that share the same haplotype. Number on lines represents the mutational steps between haplotypes. Dashed lines represent the necessary steps to connect the independent networks.