

# RESSALVA

Atendendo solicitação do autor, o texto completo desta tese será disponibilizado somente a partir de 13/03/2019.

---

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**  
**(Biologia Celular e Molecular)**

---

**RAFAEL SPLENDORE DE BORBA**

**RELAÇÕES FILOGENÉTICAS, FILOGEOGRÁFICAS E DISCRIMINAÇÃO  
MOLECULAR DE ESPÉCIES DE PEIXES DO GÊNERO *Ancistrus* KNER, 1854  
(SILURIFORMES: LORICARIIDAE).**

Tese apresentada ao Instituto de  
Biotecnologia do Campus de Rio Claro,  
Universidade Estadual Paulista, como  
parte dos requisitos para obtenção do  
título de Doutor em Ciências  
Biológicas. Área de Concentração:  
Biologia Celular e Molecular.

**Abril**  
**2018**

**RAFAEL SPLENDORE DE BORBA**

**RELAÇÕES FILOGENÉTICAS, FILOGEOGRÁFICAS E DISCRIMINAÇÃO  
MOLECULAR DE ESPÉCIES DE PEIXES DO GÊNERO *Ancistrus* KNER, 1854  
(SILURIFORMES: LORICARIIDAE).**

Orientadora: Patrícia Pasquali Parise-Maltempo

Co-orientadora: Sandra Mariotto

Tese apresentada ao Instituto de  
Biotecnologia do Campus de Rio Claro,  
Universidade Estadual Paulista, como  
parte dos requisitos para obtenção do  
título de Doutor em Ciências  
Biológicas. Área de Concentração:  
Biologia Celular e Molecular.

**RIO CLARO  
2018**

597      Borba, Rafael Splendore de  
B726r      Relações filogenética, filogeográficas e discriminação  
              molecular de espécies de peixes do gênero *Ancistrus* Kner,  
              1854 (Siluriformes: Loricariidae) / Rafael Splendore de  
              Borba. - Rio Claro, 2018  
              93 f. : il., figs., tabs., mapas

              Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista,  
              Instituto de Biociências de Rio Claro  
              Orientadora: Patricia Pasquali Parise-Maltempi  
              Coorientadora: Sandra Mariotto

              1. Peixe. 2. DNA mitocondrial. 3. DNA nuclear. 4.  
              Estruturação genética. 5. Taxonomia. I. Título.

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

TÍTULO DA TESE: RELAÇÕES FILOGENÉTICAS, FILOGEOGRÁFICAS E DISCRIMINAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO *Ancistrus* KNER, 1854 (SILURIFORMES: LORICARIIDAE) QUE COMPÕEM TRÊS BACIAS HIDROGRÁFICAS DO ESTADO DO

**AUTOR: RAFAEL SPLENDORE DE BORBA**

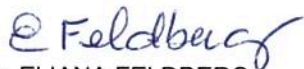
**ORIENTADORA: PATRICIA PASQUALI PARISE MALTEMPI**

**COORDINADORA: SANDRA MARIOTTO**

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (BIOLOGIA CELULAR E MOLECULAR), pela Comissão Examinadora:



Profa. Dra. PATRICIA PASQUALI PARISE MALTEMPI  
Departamento de Biologia / UNESP - Instituto de Biociências de Rio Claro - SP



Profa. Dra. ELIANA FELDBERG  
Laboratório de Citogenética / Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia



Prof. Dr. EDSON LOURENÇO DA SILVA  
x / Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí



Dra. JOSI MARGARETE PONZETTO DO NASCIMENTO  
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade / Centro de Pesquisa e Gestão de Recursos Pesqueiros Continentais



Profa. Dra. MARIA RITA DE CASCIA BARRETO NETTO  
Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade / Centro de Pesquisa e Gestão de Recursos Pesqueiros Continentais

Rio Claro, 13 de março de 2018

Título alterado para: "Relações filogenéticas, filogeográficas e discriminação molecular de espécies de peixes do gênero *Ancistrus* Kner, 1854 (Siluriformes: Loricariidae)"

*Dedico este trabalho aos meus pais  
que sempre acreditaram em mim e  
foram sempre um exemplo de  
respeito e tolerância*

## **Agradecimentos**

Em primeiro lugar agradeço aos meus pais, Silvia e Antonio, por todo apoio e confiança que depositaram em mim, por me ensinar o valor da ética, da integridade e da tolerância, e por me mostrar a importância de sempre dar o melhor de si em todas as suas escolhas. Também agradeço a todos meus familiares pelo apoio e por me aceitarem do jeito que sou e sempre serei.

Agradeço à Prof<sup>ª</sup> Dr<sup>ª</sup> Patrícia Pasquali Parise-Maltempi e à Prof<sup>ª</sup> Dr<sup>ª</sup> Sandra Mariotto pela orientação, conselhos e toda formação intelectual que me ofereceram.

Agradeço a Josi Ponzetto pela amizade e todo suporte técnico e intelectual que ofereceu e que foi essencial para a finalização desse trabalho.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) (2013/17826-9) pelo apoio financeiro cedido para o desenvolvimento do projeto.

Agradeço a todos os amigos do departamento, Luiza, Raquel, Marcelo, Carol, Matraca, Allison e Luís, pela amizade e ótima convivência, que tornou mais agradável todos esses dias de trabalho.

Agradeço as melhores travest\* que você pode ter como amigas: Lu Crac\*, Yura Lea Toria, LuCélia Regina, Pedrita, Cori e Alliça Boque\*. Obrigado pelos roles (que ainda vão ser muitos), carnavais, forró, latic\*, estrag\* e chap\*, amo muito vocês.

Aos amig@s Manu, Parça, Adna, Dae, Pam, Natalia, Danilo, Bia, Cau, pela convivência em quase todos os dias semana e que tornaram mais leve toda essa jornada.

**“Algumas pessoas olham o mundo e perguntam: Porque?**

**Eu penso em coisa que nunca existiram e pergunto: Por que não?”**

**George Bernard Shaw**





## RESUMO

O gênero *Ancistrus* é um dos mais diversificados da tribo Ancistrini possuindo 64 espécies nominais. Estes peixes diferem dos outros loricariídeos pela ausência de placas e odontódeos na ponta do focinho, onde existem apenas pequenos tentáculos carnudos e odontódeos interoperculares bem desenvolvidos. O gênero é caracterizado por mostrar grande variabilidade citogenética com o número diploide variando de  $2n=34$  e  $2n=54$  cromossomos. *Ancistrus* também se apresenta amplamente distribuído nas bacias dos rios Uruguai, Paraguai e Amazônica, sendo que as duas últimas apresentam a maior diversidade de espécies e de cariótipos do gênero. Apesar destas características, o grupo ainda é conhecido por apresentar espécies de taxonomia duvidosa e de difícil identificação, de modo que as relações filogenéticas e os padrões filogeográficos, sobretudo na bacia dos rios Paraguai e Amazonas, ainda não foram revelados. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo discriminar as diferentes linhagens de *Ancistrus* provenientes das bacias Amazônica e do Paraguai e utilizando a ferramenta de “DNA barcoding”, bem como identificar as relações filogenéticas e filogeográficas dessas linhagens utilizando múltiplas sequências de DNA. Foram obtidas 146 sequências do gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COI) que foram utilizadas na discriminação das linhagens. A análise de “DNA barcoding” mostrou a ocorrência de sete linhagens de *Ancistrus* na bacia Amazônica e oito na bacia do Paraguai. A técnica também revelou um alto valor de distância genética média entre estas linhagens (8,4%), o que indica um alto grau de isolamento genético entre as mesmas. Nas análises filogenéticas foram utilizadas 93 sequências concatenadas dos genes mitocondriais ATP sintetase subunidades 6 e 8 (ATPase 6/8) e o COI e sequências do gene nuclear Rag2, enquanto na análise filogeográfica foram utilizadas apenas as sequências do gene ATPase 6/8. Na topologia gerada pelo método Bayesiano foram distinguidos 3 clados, subdivididos em 21 grupos. Os clados mostram a ocorrência de uma relação monofilética entre parte das linhagens da bacia do rio Paraguai com as linhagens da bacia amazônica, e os 21 grupos identificados apresentam altos valores de distância genética média entre si (8,4%). Na rede de haplótipos foram observados oito grandes grupos: sete pertencentes a bacia do Paraguai e um correspondendo a bacia Amazônica, não havendo compartilhamento de haplótipos entre as duas bacias. Tais resultados indicam que *Ancistrus* forma uma unidade monofilética nas bacias Amazônica e do rio Paraguai, sendo que estas linhagens possuem alto grau de divergência e isolamento genético entre si. Isso corrobora a existência de espécies crípticas na região e aponta a necessidade de uma revisão taxonômica para o gênero nessas bacias.

**Palavras chave:** DNA mitocondrial, DNA nuclear, estruturação genética, taxonomia.

## ABSTRACT

The *Ancistrus* genus is one of the most diverse of the Ancistrini tribe possessing 64 nominal species. These fishes differ from the other loricariids by the absence of plaques and odontodes at the tip of the muzzle, where there are only small fleshy tentacles and well-developed interopercular odontodes. The genus is characterized by showing great cytogenetic variability with the diploid number ranging from  $2n = 34$  and  $2n = 54$  chromosomes. *Ancistrus* is also widely distributed in the Uruguay, Paraguay and Amazon basins, with the latter two showing the greatest diversity of species and karyotypes of the genus. Despite these characteristics, the group is still known to present dubious taxonomy species that are difficult to identify, so that the phylogenetic relationships and phylogeographic patterns, especially in the Amazon and Paraguay basins, have not yet been revealed. In this sense, the present work aimed to discriminate the different *Ancistrus* lineages from the Amazon and Paraguay basins using the DNA barcoding tool, as well as to identify the phylogenetic and phylogeographic relationships of these lineages using multiple DNA sequences. 146 sequences of the Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) gene were obtained, which were used to discriminate the lineages. The analysis of DNA barcoding showed the occurrence of seven lineages of *Ancistrus* in the Amazon basin and eight lineages in the Paraguay basin. The technique also revealed a high average genetic distance among these lineages (8.4%), indicating a high level of genetic isolation among them. In the phylogenetic analyzes, 93 concatenated sequences of the mitochondrial ATP synthase subunits 6 and 8 (ATPase 6/8) and COI and sequences of the Rag2 nuclear gene were used, whereas in the phylogeographic analysis only the ATPase 6/8 gene sequences were used. In the topology generated by the Bayesian method, 3 clades were distinguished, subdivided into 21 groups. The clades show a monophyletic relationship among the lineages from Paraguay and Amazon basins, and the 21 identified groups present high average genetic distance (8.4%). In the haplotype network, eight large groups were observed: seven belonging to the Paraguay basin and one corresponding to the Amazon basin, and there was no haplotype sharing between the two basins. These results indicate that *Ancistrus* forms a monophyletic unit in the Paraguay and Amazon basins, and these lineages have a high level of divergence and genetic isolation among them. This corroborates the existence of cryptic species in these regions and points out the need for a taxonomic revision for the genus in Paraguay and Amazon basins.

**Keywords:** mitochondrial DNA, nuclear DNA, genetic structure, taxonomy.

# SUMÁRIO

<b>1.0- INTRODUÇÃO</b> .....	<b>7</b>
1.1- FILOGEOGRAFIA E FILOGENIA DE PEIXES .....	7
1.2- IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES .....	10
1.3- BACIA AMAZÔNICA E BACIA DO PARAGUAI .....	12
1.4- ORDEM SILURIFORMES .....	15
1.5- FAMÍLIA LORICARIIDAE .....	16
1.6- TRIBO ANCISTRINI E GÊNERO <i>ANCISTRUS</i> .....	18
<b>2.0- OBJETIVOS</b> .....	<b>24</b>
2.1- OBJETIVO GERAL.....	24
2.2- METAS ESPECÍFICAS .....	24
<b>3.0- MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>25</b>
3.1- MATERIAL.....	22
3.2- MÉTODOS.....	25
3.2.1- EXTRAÇÃO DE DNA GENÔMICO .....	28
3.2.2- AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO.....	30
3.2.3- ANÁLISES DE DISTÂNCIA GENÉTICA PARA O GENE <i>COI</i> .....	32
3.2.4- ANÁLISES FILOGENÉTICAS .....	32
3.2.5- ANÁLISES FILOGEOGRÁFICAS E POPULACIONAIS .....	33
<b>4.0- RESULTADOS</b> .....	<b>34</b>
4.1- CAPÍTULO I .....	35
4.2- CAPÍTULO II .....	57
<b>5.0- CONCLUSÕES FINAIS</b> .....	<b>85</b>
<b>6.0- REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>86</b>

## **1.0 INTRODUÇÃO**

### **1.1 Filogeografia e Filogenia de Peixes**

A diversidade genética pode ser explicada pela existência de diferentes genótipos, o que garante um alto grau de variabilidade genética de uma população. Estes elementos conferem à espécie a habilidade para adaptação a um determinado ambiente (VILA et al., 1997; REYNOLDS et al., 2012). O conhecimento sobre o fluxo gênico e da estrutura genética, entre as populações naturais, tem importantes implicações não apenas na ecologia e biologia evolutiva, mas também para a conservação e gestão da biodiversidade (COWEN E SPONAUGLE, 2009).

A ictiofauna dulcícola da região Neotropical é a mais rica do mundo com mais de 5000 espécies descritas (REIS et al., 2016). O desenvolvimento dos sistemas de drenagens modernos foi o principal mecanismo que influenciou o aumento dos níveis de diversidade nesta região (LUNDERG et al., 1998). Estudos indicam que os eventos de diversificação de espécies Neotropicais ocorreram antes do período Pleistoceno, tais eventos seriam os responsáveis pela ocorrência de 80% das unidades evolutivas significativas de peixes neotropicais (RULL 2008). Eventos como a captura de cabeceiras (Hipótese hidrogeográfica) são os responsáveis pela diversificação da ictiofauna (TAGLIACOLLO et al., 2015). Estes eventos de captura são comumente observados em áreas geológicas estáveis (escudos cristalinos), que estão cobertas de fraturas e falhas geológicas. As contínuas reativações tectônicas dessas áreas (datadas desde o Paleogeno, 66 Ma) promoveram rearranjos entre as bacias, resultando em eventos de captura de cabeceira e geodispersão da ictiofauna (RIBEIRO, 2006; ROXO et al., 2014)

Com o advento de dados moleculares e métodos de bioinformática para analisar as diferenças genéticas em nível populacional, novos conhecimentos sobre a ictiofauna dulcícola neotropical foram adicionados. O DNA mitocondrial tem sido o foco de estudo de vários grupos de pesquisa que se dedicam a elucidar problemas relativos à genética de populações, conservação de recursos, estabelecimento de relações filogenéticas e filogeográficas entre diferentes espécies, resolução de incertezas taxonômicas e diferenciação de espécies crípticas. Entre os marcadores mais comumente utilizados nestes estudos estão os genes mitocondriais. Estudos realizados com o genoma mitocondrial de peixes mostram que ele é formado por cerca de 17.000 pares de bases (pb), sendo que nesse genoma encontram-se os genes 12S e 16S do rRNA, 22 genes de tRNA, Citocromo Oxidase (I, II, III e IV), ATP sintetase (subunidades 6 e 8), Citocromo b, genes para seis subunidades da NADH e a região “D-loop” (*displacement loop*) conhecida como região controle com importante papel no início da replicação do mtDNA e da transcrição do RNA (MEYER, 1993; GARESSE et al., 1997; MIYA et al., 2003; BALLARD E WITHLOCK, 2004 VILLELA et al. 2017).

O gene ATP sintetase (ATPase) de subunidades 6 e 8 é responsável pela codificação de uma enzima que hidrolisa o ATP e funciona como um transportador de energia em todas as atividades básicas das células que requerem energia. Estes genes são mais conservados em relação a outros genes mitocondriais, por isso são ferramentas utilizadas para determinar relações filogenéticas, filogeográficas (PERDICES et al., 2004; HABIB et al., 2012; BORBA et al., 2013 PONZETTO et al. 2016, PONZETTO et al., 2017) e também para estimar divergências intraespecíficas (FREDERICO et al., 2012).

A filogeografia e a filogenia fornecem importantes contribuições para o entendimento da evolução das populações, espécies e comunidades de peixes em distintos ambientes neotropicais (PIORSKI et al., 2008), sendo este um campo de estudo que leva em questão os princípios e processos que governam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas (AVISE, 2004), que permite examinar questões como as origens das zonas híbridas (HEWITT, 2001) e os limites das espécies (MARTÍNEZ-ORTEGA et al., 2004). Tais inferências, principalmente as relacionadas às reconstruções das espécies e suas genealogias, são baseadas principalmente em sequências de genes do DNA mitocondrial (DNAm<sub>t</sub>) (LOVEJOY e DE ARAÚJO, 2000).

Dessa forma, a filogenia molecular é uma das principais ferramentas da biologia da conservação, e deve ser usada no estudo de espécies ameaçadas, na criação de programas de conservação e preservação de todos os tipos de ecossistemas, bem como no entendimento da distribuição de organismos e conhecimento de sua biogeografia. Aliada a outras ferramentas, como a taxonomia e estudos ecológicos aplicados, a filogenia molecular certamente está entre as metodologias mais promissoras para auxiliar na conservação da biodiversidade (EGUIARTE, 2007). Além disso o mtDNA está presente em várias cópias por célula, o que facilita sua amplificação e sequenciamento, o que o torna um bom marcador para reconstrução de filogenias (GILLET et al. 2014). Em peixes, são vários os exemplos da utilização de haplótipos de mtDNA na resolução de problemas taxonômicos, de relações filogenéticas, populacionais e conservacionistas (PERDICES et al., 2004; STRECKER et al., 2004; WANG et al., 2004; BATISTA E ALVES-GOMES, 2006; WILLIS et al., 2007;

HUBERT et al., 2007; BRITZKI, 2015; HASHIMOTO, 2015; PONZETTO et al., 2016; PONZETTO et al., 2017).

A família Loricariidae tem sido alvo de inúmeros estudos de caráter filogenético e filogeográfico, devido à grande diversidade e distribuição de espécies, ao grande número de incertezas taxonômicas que persistem na família e a inexistência de uma posição filogenética para determinados grupos (MONTROYA-BURGOS et al., 1998; MONTROYA-BURGOS et al., 2003; CRAMER et al., 2011; ROXO et al., 2012; BORBA et al., 2013; LUJAN et al., 2015; LUJAN et al., 2017). O gênero *Ancistrus*, entretanto, até o presente momento foi alvo de poucos estudos envolvendo ferramentas moleculares, e não há na literatura ainda dados envolvendo análises filogenéticas e filogeográficas deste grupo, sobretudo na região que engloba as bacias do Paraguai, Araguaia-Tocantins e Amazônica no estado do Mato Grosso, sendo esta uma importante região para a biodiversidade da ictiofauna Neotropical.

## **1.2 Identificação molecular de espécies**

A metodologia denominada “DNA barcoding” tem sido bastante empregada para a discriminação entre indivíduos e espécies, facilitando assim a identificação de novas espécies (MORITZ E CICERO, 2004). Essa metodologia também tem se apresentado bastante frequente e relevante em estudos relacionados à caracterização da biodiversidade da ictiofauna Neotropical e na identificação molecular de espécies crípticas de peixes (WARD et al., 2005; RIBEIRO et al., 2012; MEJIA et al., 2012; PEREIRA et al., 2013; NASCIMENTO et al., 2016; BRANDÃO et al., 2016, PRIZON et al. 2017). Além disso, a metodologia foi satisfatoriamente aplicada para identificar espécimes imaturos e indivíduos em diferentes estágios de desenvolvimento (WIBOWO et al. 2016).

Mesmo com as críticas iniciais a respeito da utilização da técnica como atividade não científica e restrita a simples produção de informação (LIPSCOMB et al., 2003; EBACH E HOLDREGE, 2005), muitos autores como Waugh (2007) argumentam que a aplicação da técnica não só pode ser considerada como uma atividade estritamente científica, como também serviria para testar hipóteses relacionadas a composição da biodiversidade através da identificação de espécies, também gerando fontes de dados que dariam suporte para formulação de novas hipóteses. Além disso, DeSalle et al. (2005), propõe explicitamente que uma ponte entre as pesquisas moleculares e morfológicas são de extrema importância para o aprimoramento do processo de identificação de espécies.

A identificação e discriminação genética de espécies, se dá com base na similaridade de sequências de DNA mitocondrial e a introdução do DNA *barcoding* destacou a expansão do uso destas moléculas, mais especificamente na subunidade I do Citocromo C Oxidase (COI), como um marcador genético para identificação de indivíduos (DAWNEY et al., 2007). Esta metodologia vem sendo amplamente utilizada em diversas áreas biológicas com comprovada capacidade de diferenciar espécies estreitamente relacionadas, em estudos que vão desde ciências forenses, sistemática molecular, à identificação de espécies crípticas como já foi realizado em espécies de peixes do rio Uruguai (WONG, 2011; PRIZON et al. 2017).

Esta metodologia baseia-se no isolamento e análise deste gene específico, o qual apresenta variações interespecíficas, mas que geralmente são conservados dentro da espécie. O Citocromo oxidase I é o elemento mais utilizado nestas análises, pois, suas taxas de mutação são consideravelmente coincidentes com a taxa de evolução da espécie (OGDEN et al., 2009). Importantes estudos para o desenvolvimento de extensas



bibliotecas de código de barras de DNA, mais notavelmente o código de *Barcode of Life Data Systems* (BOLD), levou à adoção da tecnologia de código de barras de DNA como o “padrão ouro” para a identificação de espécies e tem se expandido o poder da técnica (WONG, 2011).

Dessa forma a identificação acurada de espécies possui grande importância para gestão sustentada e para o monitoramento das populações de diferentes espécies (WARD, 2000; BEERKIRCHER et al., 2009), além de permitir a identificação de espécies em diferentes estágios, indivíduos com perda de caracteres diagnósticos e também espécies crípticas (DOMINGUEZ et al., 2013)

### **1.3 Bacia Amazônica e Bacia do Paraguai**

A Bacia Amazônica considerada a maior bacia hidrográfica do mundo, com cerca de 6.000.000 km<sup>2</sup> está situada na América do Sul, entre os paralelos de 5° 00'N a 20° 00'S, limitada ao norte pelo Planalto das Guianas, com variações de altitude entre 500 e 3000 metros; ao sul, pelo Planalto Brasileiro, que forma uma barreira de 700 metros de altura; a oeste, pela Cordilheira dos Andes, com elevações de cerca de 3000 a 7000 m, e a leste, pelo Oceano Atlântico. A bacia é caracterizada pela diversidade de formações geológicas, distribuídas em quatro principais zonas morfoestruturais: os escudos cristalinos Pré-Cambrianos, ao norte e ao sul, com rochas ígneas e metamórficas; a Cordilheira dos Andes, a leste, com predominância de rochas sedimentares carbonatos e evaporitos, e a Depressão Amazônica, em sequência, para o centro da bacia, com depósitos fluviais de origem no Terciário (STALLARD E EDMOND 1983).

A vegetação presente na Bacia Amazônica pode ser dividida em dois grupos principais: vegetação de várzeas e igapó, frequentemente inundada, e vegetação de terra firme, que se encontra pelo menos a alguns metros acima do nível mais alto dos rios locais. Os solos encontrados nessa região são distribuídos de forma heterogênea e são, em sua maioria, ácidos e de baixa fertilidade química, devido às altas temperaturas, chuvas intensas e geologia heterogênea (JORDAN, 1985). Os solos de várzea apresentam-se compostos de material aluvial e com drenagem prejudicada, sendo classificados como solos hidromórficos (MORTATTI, 1995).

Alguns dados estimam que os rios Solimões e Amazonas são responsáveis pelo aporte global de água ao oceano da ordem de 205000 m<sup>3</sup>/s (MOLINIER et al., 1992), o que reforça a sua posição na liderança hidrológica mundial. De acordo com Richey et al. (1989), independentemente das variações do regime pluviométrico da bacia de drenagem, o rio Amazonas apresenta uma certa regularidade com relação aos períodos de cheias e de águas baixas, permitindo a existência das várzeas, por onde transita cerca de 30% do seu volume de água.

O rio Paraguai nasce em território brasileiro e sua rede hidrográfica abrange uma extensão de 1.095.000 Km<sup>2</sup>. Ocupa uma área de aproximadamente 600.000 Km<sup>2</sup> na América do Sul, dos quais 363.442 Km<sup>2</sup> estão em território brasileiro. O Pantanal brasileiro, totalmente inserido na Bacia do Rio Paraguai (BRP), representa 41% da área total da bacia, ocupando um território de aproximadamente 147.629 Km<sup>2</sup>. A BRP também é composta por nascentes de rios que ocupam uma área de 215.813 Km<sup>2</sup> localizadas nos planaltos do seu entorno e representam 59% da área da Bacia. Isso significa que uma porção significativa da drenagem hidrográfica central do continente sulamericano depende da BRP (ANA et al, 2004).

O Pantanal, considerado a maior área úmida do mundo e declarado Patrimônio Nacional pela Constituição Brasileira de 1988, abriga sítios de relevante importância internacional pela Convenção de Áreas Úmidas RAMSAR e contempla áreas de Reserva da Biosfera declaradas pela UNESCO em 2000. A fauna e flora do Pantanal brasileiro são extremamente dependentes das regiões adjacentes, principalmente do Cerrado, ocorrente nas bordas norte, leste e sul da planície pantaneira (MITTERMEIER et al, 2002).

A região do Pantanal também é caracterizada pela existência de grandes oscilações climáticas e hidrológicas. Tais eventos têm grande influência no deslocamento de populações silvestres da região (ANA et al. 2004, HARRIS et al. 2005). O ciclo hidrológico e a dinâmica hídrica da região, representadas principalmente pela alternância de períodos de secas e de cheias, são condicionantes ambientais que garantem a alta biodiversidade e mantêm o funcionamento ecológico de toda a região (ANA et al, 2004).

Diversos cursos d'água que compõem a BRP, incluindo a região do Pantanal, sofrem flutuações de nível de água, nutrientes e espécies como resultado do pulso de inundação (MEMEDE E ALHO 2006). Tais eventos têm grande influência na comunidade de peixes dessa região, alterando a diversidade, os padrões de migração e a estrutura trófica das mesmas após estes períodos (MUNIZ 2010). Dessa forma as regiões inundáveis se tornam portadoras de grande diversidade e riqueza ictiológica (WELCOME 2000), se apresentando assim como um importante cenário para estudos envolvendo ecologia, genética e conservação de espécies de peixes de pequeno e grande porte.

A partir desse conjunto de informações sobre as bacias, emerge a necessidade de estudos morfológicos, citogenéticos e genético-moleculares enfocando aspectos da biologia, ecologia, filogeografia e da filogenia dos peixes de riachos, principalmente, da bacia do rio Paraguai. Estes estudos são importantes ferramentas para a identificação de novas espécies numa área de reconhecido endemismo e subestimativa da ictiofauna, além de caracterizar a diversidade de espécies da região.

#### **1.4 Ordem Siluriformes**

A ictiofauna de água doce da região Neotropical possui cerca 8000 espécies de peixes já descritas (REIS et al. 2016) sendo uma das mais ricas em diversidade do mundo. Os peixes Neotropicais estão distribuídos em cinco grandes grupos: Characiformes, Siluriformes, Gymnotiformes, Cyprinodontiformes e Perciformes (LÉVEQUE et al., 2008). Os Siluriformes, por sua vez, formam um grupo extremamente grande e diverso, possuindo grupos dominantes na América do Sul e ampla distribuição mundial (BURGES, 1989; NELSON 2006; OTA et al 2015). Formada exclusivamente por peixes ósseos, a ordem tem sido foco de muitos estudos devido a sua grande diversidade taxonômica e ecológica (FINK E FINK, 1981; DE PINNA, 1998; BRITTO, 2003). Composta por 39 famílias, 5257 espécies estimadas e 3763 espécies nominais, a ordem soma cerca de 10% de todas as espécies de peixes (FERRARIS, 2007; OTA et al 2015; ESCHMEYER E FONG, 2017). Estes números tendem a aumentar significativamente devido ao aumento dos estudos taxonômicos e o estabelecimento das relações filogenéticas e filogeográficas entre os grupos pertencentes à ordem.

Os Siluriformes geralmente habitam o fundo dos rios e riachos permanecendo escondidos entre as rochas e a vegetação. Possuem formas e tamanhos variados, com

hábitos geralmente crepusculares e noturnos (PAXTON E ESCHMEYER, 1995). Estes peixes não possuem escamas sobre o corpo, sendo este revestido por uma pele espessa (couro) ou placas ósseas. Geralmente, possuem três pares de barbilhões e frequentemente apresentam um forte e pungente acúleo à frente do primeiro raio das nadadeiras dorsal e peitorais (BURGES, 1989). A maioria das espécies habita as regiões Tropicais e Neotropicais, sendo poucas as espécies que alcançam o extremo sul da América do Sul ou o extremo norte da América do Norte (NELSON, 2006).

Apesar de se tratar de um grupo de grande importância científica e econômica, a sistemática e a taxonomia dos Siluriformes ainda é bastante problemática, sendo que a própria classificação da ordem foi redefinida diversas vezes (DE PINNA, 1998; BRITTO, 2003). Um exemplo disso é mostrado no estudo realizado por de Pinna (1998) que fez uma análise da sistemática de representantes de todos os principais grupos dessa ordem, mostrando a existência de um grande número de famílias polifiléticas, ainda que vários grupos tradicionais realmente representem grupos monofiléticos. Britto (2003) elaborou uma nova hipótese filogenética para grupos da ordem Siluriformes elevando à família, representantes de grupos considerados polifiléticos por de Pinna (1998), sendo esta a hipótese mais aceita atualmente.

### **1.5 Família Loricariidae**

Dentro da ordem Siluriformes, a família Loricariidae, pertencente à superfamília Loricarioidea, é considerada a segunda mais numerosa entre os peixes neotropicais observados na maioria dos rios brasileiros (FERRARIS, 2007; DELAPIEVE, 2014). Estes peixes, vulgarmente conhecidos como “cascudos”, são caracterizados pela presença de um “escudo ósseo” que recobre todo o corpo e sua cabeça, possuem pequenas estruturas ósseas em forma de espinho chamadas de odontódeos e boca

suctória com projeções carnosas. Várias espécies de loricariídeos já foram descritas até o momento, de modo que hoje a família é representada por 1078 espécies estimadas e 937 espécies nominais (ESCHMEYER E FONG, 2017).

As relações filogenéticas da família Loricariidae têm um histórico bastante controverso, Schaefer (1987) definiu seis grupos monofiléticos para a família: Hypostominae e Loricariinae; Hypoptopomatinae; Hypoptopomatinae, Loricariinae, Hypostominae mais Ancistrinae. E até 2004 o grupo era dividido em seis subfamílias de acordo com Isbrücker (1980): Hypoptomatinae, Loricariinae, Hypostominae, Ancistrinae, Neoplecostominae e Lithogeneinae.

Entretanto, a classificação das subfamílias e o agrupamento dos gêneros continuaram sendo alvo de constantes reformulações (ISBRÜCKER, 1980; ARMBRUSTER, 2004; REIS et al., 2006). Em uma extensa revisão realizada por Armbruster (2004) as subfamílias: Hypoptopomatinae, Hypostominae, Lithogeneinae, Loricariinae e Neoplecostominae foram consideradas válidas. A antiga subfamília Ancistrinae foi considerada como sinônima de Hypostominae, a qual passou a ser constituída por cinco tribos: Corymbophanini, Rhinelepini, Hypostomini, Pterygoplichthini e Ancistrini. Adicionalmente, os gêneros *Hemipsilichthys*, *Isbrueckerichthys*, *Kronichthys* e *Pareiorhina* foram alocados na subfamília Neoplecostominae (ARMBRUSTER, 2004).

Posteriormente, foi descrita a subfamília Delturinae, que incorporou os gêneros *Delturus* e *Ursilodus* (REIS et al., 2006). Mais recentemente, Cramer (2009) usando dados moleculares nucleares, mitocondriais e morfológicos, alocou o gênero *Hemipsilichthys* na subfamília Delturinae. Chiachio et al. (2008) propôs uma sétima subfamília, Otothyrinae, a montagem da antiga tribo Otothyriini, mantendo

Hypoptopomatinae composta apenas por membros da antiga tribo Hypoptopomatini. Apesar de Cramer et al. (2011) refutar tal tentativa de elevar este grupo à subfamília, alegando esta ser parafilética, Roxo et al. (2014) mostraram o monofiletismo de Otothyriinae, além de evidenciar que Neoplecostominae está mais relacionada com Otothyriinae do que com Hypoptopomatinae. Lujan et al. (2015), com a utilização de técnicas filogenéticas moleculares multilocus (segmentos de DNA nuclear e mitocondrial) conseguiu elevar a categoria de família o grupo Rhinelepinae, anteriormente denominado como tribo Rhinelepini (Hypostominae). Desta forma, a atual família Loricariidae é dividida em oito subfamílias: Lithogeneinae Eigenmann, 1909 (3 espécies), Delturinae Reis et al., 2006 (7 espécies), Neoplecostominae Regan, 1904 (58 espécies), Hypoptopomatinae Eigenmann e Eigenmann, 1890 (52 espécies), Loricariinae Bonaparte, 1831 (238 espécies), Hypostominae Kner, 1853 (462 espécies), Otothyriinae Chiachio et al. (2008) (105 espécies) e Rhinelepinae Lujan et al. (2015) (6 espécies).

### **1.6 Tribo Ancistrini e Gênero *Ancistrus***

A tribo Ancistrini possui 217 espécies válidas, distribuídas em 24 gêneros, sendo a maior e mais diversificada em número de espécies dentre os loricariídeos da região amazônica (FERRARIS, 2007). No Brasil são encontrados 21 gêneros, em um total de 78 espécies nominais (SARMENTO-SOARES E INGENITO, 2007). O gênero *Ancistrus* Kner, 1854 é um dos mais diversificados da tribo, possuindo atualmente 66 espécies nominais e 16 consideradas como sinônimos de outras espécies de *Ancistrus* (TAPHORN et al., 2010; TAPHORN et al., 2013; ESCHMEYER, 2013, FROESE E PAULY 2016). As espécies desse gênero podem ser diferenciadas de outros loricariídeos devido a ausência de placas e odontódios na margem anterior do focinho,

onde existem apenas pequenos tentáculos carnudos e odontódeos interoperculares bem desenvolvidos. Além disso o gênero também é caracterizado pela ocorrência de cuidado parental de ovos e larvas dos indivíduos machos (SABAJ et al., 1999), e pela existência de dimorfismo sexual, no qual os tentáculos dos machos são mais desenvolvidos do que os das fêmeas (ISBRÜCKER E NIJSSEN, 1992; SABAJ et al., 1999).

Embora as espécies de *Ancistrus* sejam amplamente distribuídas pelos rios e riachos Neotropicais, as bacias dos rios Amazonas e Paraguai nos estados do Amazonas, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul abrigam o maior número e diversidade de espécies do gênero (FISCH-MULLER, 2003), de modo que várias espécies já foram descritas nessa região.

Algumas espécies de *Ancistrus* possuem taxonomia duvidosa, tendo ainda uma ausência na chave precisa de identificação, ficando esta restrita aos especialistas (BRITSKI, et al., 2007). Sobretudo na região do Pantanal brasileiro, que engloba a bacia do rio Paraguai, a taxonomia das espécies de *Ancistrus* é bastante limitada e as chaves de identificação existentes não abrangem todas as espécies da região. Por exemplo, *Ancistrus dubius* e *Ancistrus hoplogenyis* já foram considerados sinônimo de *Ancistrus cirrhosus* que não ocorre nesta bacia, além de outras espécies que ainda não possuem classificação devido a existência de incertezas taxonômicas (BIFI et al., 1999; REIS et al. 2003; BRITZKI et al 2007). Dessa forma a identificação de muitos exemplares de *Ancistrus* dessa região se baseia apenas no nível de gênero, o que dificulta os estudos biológicos e de conservação desse grupo, sendo necessária uma revisão do gênero na bacia do rio Paraguai, a fim de possibilitar a correta identificação das espécies (REIS et al. 2003).



O gênero *Ancistrus* é conhecido por possuir inúmeras variações quanto aos cariótipos das diferentes espécies existentes. Dentre estas variações pode-se destacar a grande variação do número diploide, que vai de  $2n=34$  a  $2n=54$ , a presença de cromossomos sexuais (ZZ/ZW e XX/XY), sistemas múltiplos de cromossomos sexuais (XX/XY1Y2 e Z1Z1Z2Z2/Z1Z2W1W2) polimorfismos na região organizadora de nucléolo e ocorrência de rearranjos em forma de inversões pericêntricas e paracêntricas (ALVES et al., 2003; MARIOTTO et al., 2004; SOUZA et al., 2004; ALVES et al., 2005; MARIOTTO E MIYAZAWA, 2006; DE OLIVEIRA et al., 2006, 2007 e 2008; MARIOTTO, 2009; MARIOTTO et al., 2011; MARIOTTO et al., 2013; RIBEIRO et al., 2015; FAVARATO et al., 2016, PRIZON et al., 2016, PRIZON et al., 2017). Devido a estas características, as análises cromossômicas têm auxiliado de maneira positiva a discriminação de espécies e populações de *Ancistrus* nas regiões da bacia Amazônica do rio Paraguai onde foi sugerida a ocorrência de 13 citótipos para as espécies de *Ancistrus* (DE OLIVEIRA et al., 2006; MARIOTTO et al., 2013, veja a Tabela 1).

<b>Tabela 1:</b> Linhagens e espécies de <i>Ancistrus</i> citogeneticamente caracterizadas.				
<b>Species</b>	<b>Diploid number</b>	<b>Sex Chromosome Systems</b>	<b>Location</b>	<b>Reference</b>
<i>Ancistrus cf. dubius</i>	2n=42	-	Rio Coxipó – MT	Mariotto et al., 2006
<i>Ancistrus cf. dubius</i>	2n=42	XX/XY	Córrego Pari - MT	Mariotto et al., 2006; 2011
<i>Ancistrus cf. dubius</i>	2n=42	XX/XY	Córrego Flecha - MT	Mariotto et al., 2006; 2011
<i>Ancistrus cf. dubius</i>	2n=42	XX/XY	Córrego Fundo - MT	Mariotto et al., 2006; 2011
<i>Ancistrus cuiabae</i>	2n=34	-	Baía do Arrombado - MT	Mariotto et al., 2009; 2011
<i>Ancistrus cuiabae</i>	2n=34	-	Baía do Arrombado - MT	Mariotto et al., 2009; 2011
<i>Ancistrus cuiabae</i>	2n=34	-	Baía do Arrombado - MT	Mariotto et al., 2009; 2011
<i>Ancistrus abelhoai</i>	2n=48	-	Rio Iguaçú - PR	Ribeiro et. al., 2015
<i>Ancistrus claro</i>	2n=54	-	Rio Coxipó - MT	Mariotto et. al., 2011; 2013
<i>Ancistrus</i> sp. 03	2n=54	-	Córrego Pari - MT	Mariotto et. al., 2013
<i>Ancistrus</i> sp. 01	2n=54	-	Rio Pipa - MT	Mariotto et. al., 2013
<i>Ancistrus</i> sp. 04	2n=52	-	Córrego São José - MT	Mariotto et. al., 2011; 2013
<i>Ancistrus</i> sp. 06	2n=50	-	Rio Matrixã - MT	Mariotto et. al., 2011; 2013
<i>Ancistrus tombador</i>	2n=50	-	Rio Preto - MT	Mariotto et. al., 2013
<i>Ancistrus</i> sp. 13	2n=40	-	Córrego Salgadinho - MT	Mariotto et. al., 2011; 2013
<i>Ancistrus</i> n.sp.1	2n=38	-	Rio São Francisco - AC	Alves et. al., 2003
<i>Ancistrus</i> n. sp. 2	2n=52	-	Rio Betari - SP	Alves et. al., 2003
<i>Ancistrus multispinnis</i>	2n=52	-	Rio Itapocu - SC	Alves et. al., 2003
<i>Ancistrus</i> n. sp. 1	2n=39♂	-	Rio Vermelho - GO	Alves et al. 2006

<i>Ancistrus</i> n. sp. 2	2n=52	-	Rio Garuva - SC	Alves et al., 2006
<i>Ancistrus</i> sp. Piagaçu' ( <i>A. aff. dolichopterus</i> )	2n=52	ZZ/ZW	Rio Purus - AM	De Oliveira et. al., 2007; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus ranunculus</i>	2n=48	ZZ/ZW	Rio Xingu - PA	De Oliveira et. al., 2007; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus</i> sp. 1 "Balbina" ( <i>A. dubius</i> )	2n=39 ♂	-	Córrego Barretinho - AM	De Oliveira et. al., 2008; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus</i> sp. 2 Barcelos ( <i>A. dolichopterus</i> )	2n=52	Z1Z1Z2Z2/Z1Z2W1W2	Igarapé Dimeni - AM	De Oliveira et. al., 2008; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus cf. dubius</i>	2n=44	ZZ/ZW	Serra das Araras - MT	Mariotto et. al., 2004
<i>Ancistrus</i> sp. 08	2n=44	XX/XY	Rio Currupira - MT	Mariotto et. al., 2011
<i>Ancistrus</i> sp. Purus	2n=34	XX/XY	Rio Purus - AM	De Oliveira et al., 2009; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus</i> sp. Macoari ( <i>A. maximus</i> )	2n=46	-	Rio Branco - RR	De Oliveira et al., 2009; Favarato et al. 2016
<i>Ancistrus</i> sp. Dimona	2n=52	-	Igarapé Dimona - AM	De Oliveira et al., 2009
<i>Ancistrus</i> sp. Vermelho	2n=42	-	Igarapé Demeni - AM	De Oliveira et al., 2009
<i>Ancistrus</i> sp. Trombetas	2n=38	-	Rio Trombetas - PA	De Oliveira et al., 2009
<i>Ancistrus</i> sp. Catalão	2n=34	-	Catalão - AM	De Oliveira 2006
<i>Ancistrus</i> sp. Criminoso	2n=42	-	Córrego Criminoso -MT	Prizon et al. 2016
<i>Ancistrus</i> sp I	2n=50	-	Rio Mourão - PR	Prizon et al 2017
<i>Ancistrus</i> sp II	2n=50	-	São Francisco Verdadeiro - PR	Prizon et al 2017
<i>Ancistrus</i> sp III	2n=50	-	Rio Arroyo San Juan - AG	Prizon et al 2017
<i>Ancistrus</i> sp IV	2n=50	-	Rio Ocoi - PR	Prizon et al 2017
<i>Ancistrus</i> sp V	2n=50	-	São Francisco Falso - PR	Prizon et al 2017

<i>Ancistrus</i> sp. 1 Cupim	2n= 42	-	Córrego Cupim - MT	De Oliveira 2016
<i>Ancistrus</i> sp. 2 Cupim	2n=50	-	Córrego Cupim - MT	De Oliveira 2016
<i>Ancistrus</i> sp. Mutuca	2n=54	-	Córrego Mutuca - MT	De Oliveira 2016
<i>Ancistrus</i> sp. Soberbo	2n=54	-	Rio Soberbo - MT	De Oliveira 2016
<i>Ancistrus</i> sp. Tamanduá	2n=44	-	Córrego Tamanduá - MT	De Oliveira 2016

## 5.0 CONCLUSÕES FINAIS

- As linhagens de *Ancistrus* estudadas, além de possuírem uma grande variação do número diploide e da morfologia dos cromossomos, possui também altos níveis de distância genética entre si, características que podem ser explicadas por aspectos biológicos da espécie, como sua baixa vagilidade e alto grau de isolamento geográfico;
- Com a técnica de DNA barcoding foi possível discriminar nove linhagens de *Ancistrus* na bacia do rio Paraguai, e seis linhagens na bacia Amazônica;
- Os resultados obtidos pela técnica de DNA barcoding também aponta a existência de espécies crípticas em ambas as bacias hidrográficas, como é o caso do córrego Mutuca (bacia do Paraguai), onde as linhagens apresentam ambas  $2n=54$  cromossomos, porém possuem alto nível de distância genética entre si;
- A análise concatenada das sequências apontou a ocorrência de uma unidade monofilética entre as linhagens das bacias do rio Paraguai e Amazônica;
- A análise filogenética também ajudou a corroborar a hipótese do número diploide basal do grupo de  $2n=54$  cromossomos, característica que é observada nas linhagens provenientes da bacia do Paraguai;
- As linhagens de *Ancistrus* apresentam alto grau de isolamento genético, e não foi observado compartilhamento de haplótipos entre as duas bacias estudadas, de modo que as linhagens se apresentam bem estruturadas dentro das mesmas, o que os indícios de alto grau de isolamento geográfico entre as linhagens.

## 6.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, A.L.; OLIVEIRA, C.; FORESTI, F. Karyotype variability in eight species of the subfamilies Loricariidae and Ancistrinae (Teleostei, Siluriformes, Loricariidae). *Caryologia*, v. 56, p. 57-63, 2003.

ALVES, A.L.; OLIVEIRA, C.; FORESTI, F. Karyotype variability in eight species of the subfamilies Loricariidae and Ancistrinae (Teleostei, Siluriformes, Loricariidae). *Caryologia*, v. 56, p. 57-63, 2003. ALVES, A. L.; OLIVEIRA, C.; FORESTI, F. Comparative cytogenetic analysis of eleven species of subfamilies Neoplecostominae and Hypostominae (Siluriformes: Loricariidae). *Genetica*, v. 124, p. 127-136, 2005.

ANA – Agência Nacional de Águas. 2004. Implementação de práticas de gerenciamento integrado de bacia hidrográfica para o Pantanal e a Bacia do Alto Paraguai: programas de ações estratégicas para o gerenciamento integrado do Pantanal e Bacia do Alto Paraguai. GEF. Relatório Final. Brasília. 513 pp.

ARMBRUSTER, J.W. Phylogenetic relationships of the sucker-mouth armored catfishes (Loricariidae) with particular emphasis on the Hypostominae and Ancistrinae. *Zoological Journal of the Linnean Society*, v. 141, p. 1-80, 2004.

AVISE, J.C. Molecular markers, natural history and evolution. 2nd ed. Massachusetts: Sinauer Associates, p. 541, 2004.

BALLARD J.W.O.; WHITLOCK M. C. The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, v. 13, p. 729-744, 2004.

BATISTA, J.C.; ALVES-GOMES, J. Phylogeography of *Brachyplatystoma rousseauxii* (Siluriformes - Pimelodidae) in the Amazon Basin offers preliminary evidence for the first case of “homing” for an Amazonian migratory catfish. *Genetics and Molecular Research*, v. 5, n. 4, p. 723-740, 2006.

BEERKIRCHER, L.; AROCHA, F.; BARSE, A.; PRINOE, E.; RESTREPO, V.; SERAFY, J.; SHIVJI, M. S. Effects of species misidentification on population assessment of overfished white marlin *Tetrapturus albidus* and roundscale spearfish *T. georgii*. *Endangered Species Research*, v. 9, p. 81-90, 2009.

BIFI, A.G.; PAVANELLI, C.S.; ZAWADZKI, C.H. Three new species of *Ancistrus* Kner, 1854 (Siluriformes: Loricariidae) from the Rio Iguçu basin, Paraná State, Brazil. *Zootaxa (Online)*, v. 2275, p. 41-59, 2009.

BONAPARTE, C.L.J.L. Saggio di una distribuzione metódica degli animal vertebrati. *G. Arcadio Science*, v.49, p. 1-77, 1831.

BORBA, R.S.; ZAWADZKI, C.H.; OLIVEIRA, C.; PERDICES, P.; PARISEMALTEMPI, P.P.; ALVES, A.L. Phylogeography of *Hypostomus strigaticeps* (Osteichthyes: Loricariidae) inferred by mitochondrial DNA reveals its distribution in the Upper Paraná River basin. *Neotropical Ichthyology*, v.11, n.1, p. 111-116, 2013.

BRANDÃO, J.H.S.G.; BITENCOURT, J.A.; SANTOS F.B.; WATANABE, L.A.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I.; AFFONSO, P.R.A.M. DNA barcoding of coastal ichthyofauna from Bahia, northeastern Brazil, South Atlantic: high efficiency for systematics and identification of cryptic diversity. *Biochemical Systematics and Ecology*, v. 65, p. 214–224, 2016.

BRITSKI, H.A.; SILIMON, K.Z.S.; LOPES, B.S. Manual de identificação de peixes do Pantanal Mato-grossense. SPI. Corumbá, MS: EMBRAPA, p.184, 2007.

BRITTO, M.R. Análise filogenética da ordem Siluriformes com ênfase nas relações da superfamília Loricarioidea (Teleostei: Ostariophysi). Tese de Doutorado, Instituto de Biociências, Universidade Estadual de São Paulo, p. 512, 2003.

BRITZKI, R. Relações filogenéticas do gênero *Apistogramma* (Teleostei: Cichidae) e filogeografia da espécie *Apistogramma agassizzi*. Tese de Doutorado, UNESP Botucatu, 2015.

BURGES, W.E. An atlas of freshwater and marine catfishes a preliminary survey of the Siluriformes. T.F.H. Publications, Neptune, NJ. 1989.

CHIACHIO, M.C.; OLIVEIRA, C.; MONTOYA-BURGOS, J.I. Molecular systematic and historical biogeography of the armored Neotropical catfishes Hypoptomatinae and Neoplecostominae (Siluriformes: Loricariidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 49, p. 606-617, 2008

COWEN, R.K.; SPONAUGLE, S. Larval dispersal and marine population connectivity. *The Annual Review of Marine Science*, v. 1, p. 443-66, 2009.

CRAMER, A.C. Filogenia de duas subfamílias de cascudos (Siluriformes, Loricariidae), usando dados nucleares, mitocondriais e morfológicos. Tese de Doutorado, p. 1-121, 2009.

CRAMER, C.A.; BONATTO, S.L.; REIS, R.E. Molecular phylogeny of the Neoplecostominae and Hypoptopomatinae (Siluriformes: Loricariidae) using multiple genes. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v.59, p. 43-52, 2011.

DAWNAY, N., OGDEN, R., MCEWING, R., CARVALHO, G.R.; THORPE, R.S. Validation of the barcoding gene COI for use in forensic genetic species identification. *Forensic Science International*, p. 1-7, 2007.

DE OLIVEIRA, R.R.; FELDBERG, E.; ANJOS, M.B.; ZUANON, J. Karyotype characterization and ZZ/ZW sex chromosome heteromorphism in two of the catfish genus *Ancistrus* Kner, 1854 (Siluriformes: Loricariidae). *Neotropical Ichthyology*, v. 5. p. 301-306, 2007.

DE OLIVEIRA, R.R.; FELDBERG, E.; ANJOS, M. B.; ZUANON, J. Mechanisms of chromosomal evolution and its possible relation to natural history characteristics in *Ancistrus* catfishes (Siluriformes: Loricariidae). *Journal of Fish Biology*, v. 75, p. 2209-2225, 2009.

DE OLIVEIRA, R.R.; FELDBERG, E.; ANJOS, M.B.; ZUANON, J. Occurrence of multiple sexual chromosomes (XX/XY1Y2 and Z1Z1Z2Z2/Z1Z2W1W2) in catfishes of

the genus *Ancistrus* (Siluriformes: Loricariidae) from the Amazon basin. *Genetica*, v. 134, p. 243-249, 2008.

DE OLIVEIRA, R.R.; SOUZA, I.L.; VENERE, P.C. Karyotype description of three species of Loricariidae (Siluriformes) and occurrence of the ZZ/ZW sexual system in *Hemiancistrus spilomma* Cardoso & Lucinda, 2003. *Neotropical Ichthyology*, v. 4. p. 93-97, 2006.

DE PINNA, M.C.C. Phylogenetic relations of Neotropical Siluriformes (Teleostei: Ostariophysi): historical overview and synthesis of hypotheses. In *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*, edited by MALABARBA, L.R.; REIS, R.E.; VARI, R.P.; LUCENA, Z.M.S.; LUCENA, C.A.S. Edipucrs. Porto Alegre, RS, p. 279-330, 1998.

DE LAPIEVE, M.L.S. Filogenia de Hypoptopomatini (Loricariidae: Hypoptopomatinae). Dissertação (Mestrado em Zoologia) - Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2014.

DESALLE, R.; EGAN, M.G.; SIDDALL, M. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, v.360, p. 1905-1916, 2005

DOMINGUEZ, R.R.; AMORIM, A. F.; HILSDORF, A.W.S. Genetic identification of *Carcharhinus* sharks from the southwest Atlantic Ocean (Chondrichthyes: CARCHARHINIFORMES). *Journal of Applied Ichthyology*. ISSN 0175–8659, 2013.

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

EDGAR, R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, v.32, p. 1792-1797, 2004.

EGUIARTE, L.E.; SOUZA, V.; AGUIRRE, X. *Ecología molecular*. México, D.F.: Instituto Nacional de Ecología, SEMANART, 608 p, 2007.

EIGENMANN, C.H.; R. EIGENMANN S. 1890. A revision of the South America Nematognathi or catfishes. *Occasional Papers of the California Academy of Sciences*, v.1, n.2, p. 1-508, 1890.

EIGENMANN, C.H. Reports on the expedition to British Guiana of the Indiana University and the Carnegie Museum, 1908. Report no. 1. Some new genera and species of fishes from British Guiana. *Annals of Carnegie Museum*, v.6, n.1, p. 4-54, 1909.

ESCHMEYER, W. *Catalog of fishes*. Electronic publication in “World Wide Web”. Available at <http://www.calacademy.org/research/ichthyology/catalog>. Acessado, Novembro, 2016.



ESCHMEYER, W.N., FONG, J.D. Species by family/subfamily. Catalog of Fishes <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.asp> Electronic version acessado em 24 de Novembro 2016.

FAVARATO, R.M.; SILVA, M.; DE OLIVIERA, R.R; ARTONI, R. F.; FELDBERG, E.; MATOSO, D. A. Cytogenetic diversity and the evolutionary dynamics of rDNA genes and telomeric sequences in the *Ancistrus* genus (Loricariidae: Ancistrini). *Zebrafish*, v. 13, 2016.

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

FERRARIS JR CJ. Checklist of catfishes, recent and fossil (Osteichthyes: Siluriformes), and catalogue of siluriform primary types. *Zootaxa*, v. 1418, p. 1-628, 2007.

FERRARIS JR, C.J. Checklist of catfishes, recent and fossil (Osteichthyes: Siluriformes), and catalogue of siluriform primary types. *Zootaxa*, v.1418, p.1-628, 2007.

FINK, S.V.; FINK, W.L. Interrelationships of the Ostariophysan fishes (Teleostei). *Zoological Journal of the Linnean Society*, v. 72, p. 297-353, 1981.

FISCH-MULLER, S. subfamily Ancistrinae. In Check list of the freshwater fishes of South and Central America. Porto Alegre: EDIPUCRS, p. 729, 2003.

FISCH-MULLER, S.; CARDOSO, A.R.; SILVA, J.F.P.; BERTACO, V.A. Three new species of *Ancistrus* Kner (Teleostei: Siluriformes: Loricariidae) from the upper Tapajós and Tocantins rivers. *Revue Suisse de Zoologie*, v. 112, n. 2, p. 559-572, 2005b.

FISCH-MULLER, S.; CARDOSO, A.R.; SILVA, J.F.P.; BERTACO, V.A. Two new Amazonian species of armored catfishes (Siluriformes:Loricariidae): *Ancistrus verecundus* and *Ancistrus parecis*. *Neotropical Ichthyology*, v. 3, n. 4, p. 325-332, 2005a.

FREDERICO, R.G.; FARIAS, I.P.; ARAÚJO, M L.G.D.; CHARVET-ALMEIDA, P.; ALVES-GOMES, J.A. Phylogeography and conservation genetics of the Amazonian freshwater stingray *Paratrygon aiereba* Müller & Henle, 1841 (Chondrichthyes: Potamotrygonidae). *Neotropical Ichthyology*, v. 10, n.1, p. 71–80, 2012.

FROESE, R.; PAULY D. 2016. FishBase. [Version 01/2016] [www.fishbase.org](http://www.fishbase.org). Acessado em Novembro de 2016.

GARESSE, R; CARRODEGUAS, J.A.; SANTIAGO, J.; PEREZ, M. L.; MARCO, R.; VALLEJ, C.G. *Artemia* mitochondrial genome: molecular biology and evolutive considerations. *Comparative Biochemistry Physiology*, v. 117, p. 357-366, 1997.

GILLET, C.P.D.T., CRAMPTON-Platt, A., TIMMERMANS, M.J.T.N., JORDAL, B.H., EMERSON, B.C.; VOGLER, A.P. Bulk de novo mitogenome assembly from pooled total DNA elucidates the phylogeny of weevils (Coleoptera: Curculionidae). *Molecular Biology and Evolution*, v. 31, p. 2223–2237, 2014.

GÜNTHER, A. Catalogue of the fishes in the British Museum. Catalogue of the Physostomi, containing the families Siluridae, Characinidae, Haplochitonidae, Sternoptychidae, Scopelidae, Stomiatidae in the collection of the British Museum. Trustees, London, v.22, p. 455, 1864.

HABIB, M.; LAKRA, W.S.; MOHINDRA, V.; LAL, K.K.; PUNIA, P.; SINGH, R.K.; KHAN, A.A. 2012. Assessment of ATPase 8 and ATPase 6 mtDNA Sequences in Genetic Diversity Studies of *Channa Marulius* (Channidae: Perciformes). Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences v. 82, n. 4, p. 497-501, 2012.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids*, v. 41, p. 95–98, 1999.

HARRIS, M.B.; TOMAS, W.M; MOURÃO, G.; DA SILVA, C.J.; GUIMARÃES, E.; SONODA, F.; FACHIM, E. Desafios para proteger o Pantanal brasileiro: ameaças e iniciativas em conservação. *Megadiversidade*, v. 1, n.1, p. 156-164, 2005.

HASHIMOTO, S. Análises moleculares em *Ageneiosus* (Siluriformes: Auchenipteridae): limites taxonômicos e relações intragenéricas. Tese de Doutorado, INPA Manaus, 2015.

HEWITT, G.M. Speciation, hybrid zones and phylogeography - or seeing genes in space and time. *Molecular Ecology*, v. 10, n. 3, p. 537-549, 2001.

HUBERT, N.; DUPONCHELLE, F.; NUÑEZ, J.; GARCIA-DAVILA, C.; PAUGY, D.; RENNO, J.F. Phylogeography of the piranha genera *Serrasalmus* and *Pygocentrus*: implications for the diversification of the Neotropical ichthyofauna. *Molecular Ecology*, v. 16, p. 2115-2136, 2007.

ISBRÜCKER, I. J. H. Classification and catalogue of the mailed Loricariidae (Pisces, Siluriformes). *Verslagen en Technische Gegevens*, v.22, p. 1-181, 1980.

ISBRÜCKER, I.J.H.; NIJSSEN, H. Sexual dimorphisms bei Harnischwelsen (Loricariidae). *DATZ-Sonderheft*, p.19-33, 1992.

IVANOVA, N.V.; ZEMLAK, T.S.; HANNER, R.H.; HEBERT, P.D.N. (2007) Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, v.7, p. 544-548, 2007.

JORDAN, C.F. Soils of the Amazon rainforest. In: G. T. Prance & T.E. Lovejoy (Ed.) *Amazônia*. Oxford, IUCN/Pergamon Press, p. 83-94, 1985.

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

KNAACK, J. New *Ancistrus* species from the Rio Cuiaba system, Brazil (Pisces, Siluriformes, Loricariidae). *Tropical Fish Hobbyist*, v.47, p. 150-155, 1999.

KNER R. Über die Hypostomiden, oder zweite Hauptgruppe der Panzerfische. Sitzungsberichten der Kaiserlichen Akademie der Wissenschaften in Wien, Mathematisch-Naturwissenschaftliche Classe, v. 10, p. 279-282, 1853.

KNER, R. Die Hypostomiden Zweite Hauptgruppe der familie der panzerfische (Loricata vel Goniodontes). Denks Kaiser Akad Wissens Wien, mathem. Naturwissen. Classe AM, v. 31, p. 65-98, 1854.

LÉVÊQUE, C.; OBERDORFF, T.; PAUGY, D.; STIASSNY, M.L.J.; TEDESCO, P.A. Global diversity of fish (Pisces) in freshwater. *Hydrobiologia*, v. 595, p. 545-567, 2008.

LEWIN, B. *Genes V*. Oxford University Press Inc., New York, p. 1272, 1994.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, v. 25, p.1451–1452.

LIPSCOMB, D.; PLATNICK, N.; WHEELER, Q. The intellectual content of taxonomy: a comment on DNA taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution*, v.18, p. 65-66, 2003.

LOVEJOY, N.R.; DE-ARAÚJO, M.L.G. Molecular systematic, biogeography and population structure of Neotropical freshwater needlefishes of the genus *Potamorhaphis*. *Molecular Ecology*, v. 9, n. 3, p. 259-268, 2000.

LUJAN, N.K.; ARMBRUSTER, J.W.; LOVEJOY, N.K.; LÓPEZ-FRENANDEZ, H. Multilocus molecular phylogeny of the suckermouth armored catfishes (Siluriformes: Loricariidae) with a focus on subfamily Hypostominae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v.82, 2015.

LUNDBERG, J. G. et al. The stage for Neotropical fish diversification: a history of tropical South American Rivers. In: MALABARBA L. R. et al. *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*. Porto Alegre, Brazil: Edipucrs, 1998. p. 13–48.

MARIOTTO, S. CENTOFANTE, L. MOREIRA-FILHO, O. Diversity and chromosomal evolution in the genus *Ancistrus* Kner, 1854(Loricariidae: Ancistrini) from three hydrographic basins of Mato Grosso State, Brazil. *Neotropical Ichthyology*, v.11, n.1, p.125-131, 2013

MARIOTTO, S. Estudo citogenético clássico e molecular em quinze espécies da tribo Ancistrini (Siluriformes: Loricariidae) de três bacias hidrográficas brasileiras. 2008. 106f. Tese doutorado (Genética e Evolução), Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2009.

MARIOTTO, S.; ARTONI, R.F.; MIYAZAWA, C.S. Occurrence of sexual chromosome, of the type ZZ/ZW, in *Ancistrus cf. dubius* (Loricariidae, Ancistrinae) of the Paraguay River Basin, MatoGrosso, Brazil. *Caryologia*, v. 57, p. 327-331, 2004.

MARIOTTO, S.; CENTOFANTE, L.; MIYAZAWA, C.S.; BERTOLLO, L.A.C.; MOREIRA-FILHO, O. Chromosome polymorphism in *Ancistrus cuiabae* Knaack, 1999 (Siluriformes: Loricariidae: Ancistrini). *Neotropical Ichthyology*, v. 7, p. 595-600, 2009.

MARIOTTO, S.; CENTOFANTE, L.; VICARI, M. R.; ARTONI, R. F.; MOREIRAFILHO, O. Chromosomal diversification in ribosomal DNA sites in *Ancistrus* Kner, 1854 (Loricariidae, Ancistrini) from three hydrographic basins of Mato Grosso, Brazil. *Comparative Cytogenetic*, v. 5, p. 289-300, 2011.

MARIOTTO, S.; MIYAZAWA, C.S. *Ancistrus* cf. *dubius* (Siluriformes, Ancistrinae), a complex of species. Chromosomic characterization of four populations and occurrence of 53 sexual chromosomes of type XX/XY, in the pantanal basin of Mato Grosso, Brazil. *Caryologia*, v. 59, n. 4, p. 299-304, 2006.

MARTÍNEZ-ORTEGA, M.M.; LUIS, D.; ALBACH, D.C.; ELENA-ROSSELLO, J.A. e RICO, E. Species boundaries and phylogeographic patterns in cryptic taxa inferred from AFLP markers: *Veronica* subgen. *Pentasepalae* (Scrophulariaceae) in the Western Mediterranean. *Systematic Botanic*, v. 29, n. 4, p. 965-986, 2004.

MEJÍA, O.; LEÓN-ROMERO, Y.; SOTO-GALERA, E. DNA barcoding of the ichthyofauna of Pánuco-Tamesí complex: Evidence for taxonomic conflicts in some groups. *Mitochondrial DNA*, v. 23, p. 471-476, 2012

MEMEDE, S.B.; ALHO, C.J.R. Response of wild mammals to seasonal shrinking-and-expansion of habitats due to flooding regime of the Pantanal, Brazil. *Brazilian Journal of Mammal*, v. 66, p. 991-998, 2006.

MEYER, A. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. *Biochemistry and molecular biology of fishes*. n. 2. p. 1-38, 1993.

MIRANDA RIBEIRO, A.; Loricariidae, Callichthyidae, Doradidae e Trichomycteridae. In: Comissão de Linhas Telegráficas Estratégicas de Matto-Grosso ao Amazonas, p. 1-31, 1912.

MITTERMEIER, R.A.; MITTERMEIER, C.G.; GIL, P.A.; PILGRIM, J. *Wilderness: Earth's last wild places*. Mexico: CEMEX. 573 p, 2002.

MIYA, M.; TAKESHIMA, H.; ENDO, H.; ISHIGURO, N. B.; INOUE, J.G.; MUKAI, T.; SATOH, T.P.; YAMAGUCHI, M.; KAWAGUCHI, A.; MABUCHI, K.; SHIRAI, S.M.; NISHIDA, M. Major Patterns of Higher Teleostean Phylogenies: a New Perspective Based on 100 Complete Mitochondrial DNA Sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 26, n. 1, p. 121-38, 2003.

MOLINIER, M.; CUDO, R.J.; GUIMARÃES, V. Disponibilidade de água na Bacia Amazônica. In: *FOREST 92: Estudos ambientais em florestas Tropicais Úmidas*. Rio de Janeiro, 1992.

MONTOYA-BURGOS, J.I.; MULLER, S.; WEBER, C. e PAWLOWSKI, J. Historical biogeography of the catfishes 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 *Phylogeny and Classification of Neotropical Fishes*, edited by

MALABARBA, L.R.; REIS, R.E.; VARI, R.P.; LUCENA, Z.M.S.; LUCENA, C.A.S. Edipucrs, Porto Alegre, RS. p. 363-375, 1998.

MORITZ, C.; CICERO, C. DNA barcoding: promise and pitfalls. *PLOS Biology*, v.2, n.10, p. 1529-1531, 2004.

MORTATTI, J. Erosão na Amazônia: processos, modelos e balanço. Tese de LivreDocência, ESALQ, Universidade de São Paulo. 154 p, 1995.

MULLER, S. Description de deux nouvelles espèces paraguayennes du genre *Ancistrus* Kner, 1854 (Pisces, Siluriformes, Loricariidae). *Revue suisse de Zoologie, Annales de la Société zoologique suisse et du Muséum d'Histoire naturelle de Genève*, v. 96, p. 885-904. 1989.

MUNIZ, C.C. Avaliação do papel do pulso de inundação sobre a riqueza e biodiversidade de peixes em ambiente inundável, no sistema de baías Caiçara, porção

norte do Pantanal Matogrossense, alto Paraguai. Tese de Doutorado (Ecologia e Recursos Naturais) Universidade Federal de São Carlos, SP, p. 82, 2010.

NASCIMENTO, M.H.S.; ALMEIDA, M.S.; VEIRA, M.N.S.; LIMEIRA FILHO, D.; LIMA, R.C.; BARROS, M.C.; FRAGA, E.C. DNA barcoding reveals high levels of genetic diversity in the fishes of the Itapecuru Basin in Maranhão, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, v. 15, n.3, gmr.15038476, 2016.

NELSON, J. S. *Fishes of the World*. 4. ed. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc. Hoboken, New Jersey, USA. 601 p, 2006.

OGDEN, R., DAWNAY, N., MCEWING, R. Wildlife DNA Forensics Bridging the gap between conservation genetics and law enforcement. *Endangered Species Research*, v. 9, p. 179-195, 2009.

PANCHAL, M. The automation of Nested Clade Phylogeography Analysis. *Bioinformatics Applications Note*, v.23, n.4, p. 509-510, 2007.

PATERNELLO, T.; MARCATO, S.; ZANE, L.; VAROTTO, V.; BARGELLONI, L. Phylogeography of the *Chionodraco* genus (Perciformes, Channichthyidae) in the Southern Ocean. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v. 28, p. 420-429, 2003.

PAXTON, J.R.; ESCHMEYER, W.N. *Encyclopedia of fishes*. Academic Press, San Diego, 1995.

PERDICES, A.; CUNHA, C.; COELHO, M.M. Phylogenetic structure of *Zacco platypus* (Teleostei, Cyprinidae) populations on the upper and middle Chang Jiang (=Yangtze) drainage inferred from cytochrome b sequence. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v. 31, p. 192-203, 2004.

PEREIRA, L.H.G.; HANNER, R.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, C. Can DNA barcoding accurately discriminate megadiverse Neotropical freshwater fish fauna? *BCM Genetics*, v.14, 2013. doi:10.1186/1471-2156-14-20, 2013.

PIORSKI, N.M.; SANCHES, A.; CARVALHO-COSTA, L.F.; HATANAKA, T.; CARRILLO-AVILA, M.; FREITAS, P.D. e GALETTI JR., P.M. Contribution of conservation genetics in assessing neotropical freshwater fish biodiversity. *Brazilian Journal of Biology*. v. 68, n. 4, p. 1039-1050, 2008.

PONZETTO, J.M.; BRITZKE, R.; NIELSEN, D.T.B.; PARISE-MALTEMPI, P.P.; ALVES, A.L. Phylogenetic relationships of *Simpsonichthys* subgenera (Cyprinodontiformes, Rivulidae), including a proposal for a new genus. *Zoologica Scripta*, v. 45, 2016.

PONZETTO, J.M.; ALVES, A.L.; VARELA, E.S.; VILLELA, L.C.V.; CAETANO, A.R.; LEONARDECZ, E. Molecular Phylogeny Inferred from the Concatenated Genes of Two Neotropical Catfish Species and Implications for Conservation. *Journal of Phylogenetics and Evolutionary Biology* v. 05, p. 176-184, 2017.

POSADA, D.; CRANDALL K.A. Modeltest: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, v. 14, p. 817-818, 1998.

PRIZON, A.C.; CARVALHO, L.A.B.; BRUSCHI, D.P.; RIBEIRO, M.O.; BARBOSA, L.M.; FERREIRA, G.E.B.; CIUS, A.; ZAWADZKI, C.H.; PORTELA-CASTRO, A.L. B. Cytogenetic data on *Ancistrus* sp. (Siluriformes, Loricariidae) of the Paraguay River basin (MS) sheds light on intrageneric karyotype diversification. *Comparative Cytogenetics*, v. 10, p. 625-636, 2016.

PRIZON, A.C.; BRUSCHI, D.P.; BORIN-CARVALHO, L.A.; CIUS, A.; BARBOSA, L.M.; RUIZ, H.B.; ZAWADZKI, C.H.; FENOCCHIO, A.S.; PORTELA-CASTRO, A.L.D.B. () Hidden Diversity in the Populations of the Armored Catfish *Ancistrus* Kner, 1854 (Loricariidae, Hypostominae) from the Paraná River Basin Revealed by Molecular and Cytogenetic Data. *Frontiers in Genetics*, v. 8, p. 185, 2017. doi: 10.3389/fgene.2017.00185

RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P.D.N. BOLD: The Barcode of Life Data System ([www.barcodinglife.org](http://www.barcodinglife.org)). *Molecular Ecology Notes*, v. 7, p. 355-364, 2007.

REGAN, C.T. A monograph of the fishes of the family Loricariidae. *Transactions of the Zoological Society, London* v. 17, p. 191-350, 1904.

REIS, R. E.; ALBERT, J. S.; DI DARIO, F.; MINCARONE, M. M.; PETRY, P. ROCHA, L. A. Fish biodiversity and conservation in South America. *Journal of Fish Biology*, doi:10.1111/jfb.13016, 2016.

REIS, R.E.; KULLANDER, S.O.; FERRARIS, C. Check List of the Freshwater Fishes of South and Central America (CLOFFSCA), Porto Alegre, EDIPUCRS, p. 729, 2003.

REIS, R.E.; PEREIRA, E.H.L. e ARMBRUSTER, J.H. Delturinae, a new loricariid catfish subfamily (Teleostei: Siluriformes), with revisions of *Delturus* and *Hemipsilichthys*. *Zoological Journal of the Linnean Society*, v. 143, p.277-299, 2006.

REYNOLDS, L. K.; MCGLATHERY, K. J.; WAYCOTT, M. Genetic Diversity enhances Restoration Success by Augmenting Ecosystem Services. *PLoS ONE* 7, e38397, 2012.

- 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. *Neotropical Ichthyology*, v. 4, n. 2, p. 225–246, 2006.
- RIBEIRO, A.O.; CAIRES, R.A.; MARIGUELA, T.C.; PEREIRA, L.H.G.; HANNER, R.; OLIVEIRA O. DNA barcodes identify marine fishes of São Paulo State, Brazil. *Molecular Ecology Resources*, v. 12, p. 1012-1020, 2012.
- RIBEIRO, M.O.; NOLETO, R.B.; LORSCHIEDER, C.A.; PORTO, F.E.; PRIZON, A. C.; ZAWADZKI, C.H.; OLIVEIRA, L.C.; PORTELA CASTRO, A.L.B. Cytogenetic description of *Ancistrus abilhoai* (Siluriformes: Loricariidae) from Iguaçú River basin, southern Brazil. *Genetics and Molecular Research*, v. 14, p. 4051-4057, 2015.
- RICHEY, J.E.; NIERTES, L.A.K.; DUNNE, T.; VICTORIA, R.L.; FORSBERG, B.R.; TANCREDI, A.C.N.S.; OLIVEIRA, E. Sources and routing of the Amazon river flood wave. *Global Biogeochemical Cycles*, v. 3, n.3, p. 191-204, 1989.
- ROXO, F.F.; ZAWADZKI, C.H.; TROY, W.P. Description of two new species of *Hisonotus* Eigenmann & Eigenmann, 1889 (Ostariophysi, Loricariidae) from the rio Paraná-Paraguay basin, Brazil. *Zookeys*, v. 395, p. 57-78, 2014.
- ROXO, F.R.; ZAWADZKI, C.H.; SILVA, G.C.; CHIACHIO, M.C.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, O. Molecular systematics of the armored neotropical catfish subfamily Neoplecostominae (Siluriformes: Loricariidae). *Zootaxa*, v. 3390, p. 33-42, 2012.
- RULL, V. Speciation timing and Neotropical biodiversity: The Tertiary-Quaternary debate in the light of molecular phylogenetic evidence. *Molecular Ecology*, v. 17, n. 11, p. 2722-2729, 2008.
- SABAJ, M.H.; ARMBRUSTER, J.W.; PAGE, L.M. Spawning in *Ancistrus* with comments on the evolution of snout tentacles as a novel reproductive strategy: larval mimicry. *Ichthyology Exploration of Freshwaters*, v. 10, n. 3, p. 217-229, 1999.
- SAMBROOK, J.; RUSSEL D.W. *Molecular cloning. A laboratory manual*. (Cold New York: Spring Harbor Laboratory Press. Third Edition, 2001.
- SARMENTO-SOARES, L.M.; INGÊNITO, L.F.S. Ancistrinae. In: *Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil*. Rio de Janeiro: Museu Nacional, p. 98-102. 2007.
- SCHAEFER, S.A. Osteology of *Hypostomus plecostomus* (Linnaeus) with a phylogenetic analysis of the loricariid subfamilies (Pisces: Siluroidei). *Natural History Museum of Los Angeles County*, v. 394, p. 1-31, 1987.
- SOUZA, A.C.P.; NASCIMENTO, A.L.; CARVALHO, J.R.; BARROS, R.M.S.; FELDBERG, E.; NAGAMACHI, C.Y.; PIECZARKA, J.C. Karyotypic analysis of *Baryancistrus aff. niveatus* (Ancistrinae, Loricariidae) by C-banding, Ag-NOR, CMA3, DAPI and FISH. *Caryologia*, v. 57, p. 219-223, 2004.

STALLARD, R.F. & EDMOND, J. Geochemistry of the Amazon basin. 2. The influence of the geology and weathering environment on the dissolved load. *Journal of Geophysical Research*, v. 88, p. 9671-9688, 1983.

STEPHENS, M.; DONNELLY, P. A comparison of Bayesian methods for haplotype reconstruction from population genotype data. *American Journal of Human Genetics*, v. 73, p. 1162–1169, 2003.

STEPHENS, M.; SMITH, N.J.; DONNELLY, P. A new statistical method for haplotype reconstruction from population data. *American Journal of Human Genetics*, v. 68, p. 978–989, 2001.

STRECKER, U.; FAÚNDEZ, V.H.; WILKENS, H. Phylogeography of surface and cave *Astyanax* (Teleostei) from Central and North America based on cytochrome b sequence data. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v. 33, p. 469-481, 2004.

SWOFFORD, D.L. PAUP\*: Phylogenetic analysis using parsimony (\*and other methods). Version 4. Sinauer Associates, Massachusetts, 2003.

TAGLIACOLLO, V. A. et al. Biogeographical signature of river capture events in Amazonian lowlands. *Journal of Biogeography*, v. 42, n. 12, p. 1–14, 2015.

TAMURA, K.; PETERSON, D.; PETERSON, N. et al. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, v. 28, p. 2731–2739, 2011

TAPHORN, D.C.; ARMBRUSTER, J.W.; RODRÍGUEZ-OLARTE, D. *Ancistrus falconensis* n. sp. and *A. gymnorhynchus* Kner (Siluriformes: Loricariidae) from central Venezuelan Caribbean coastal streams. *Zootaxa*, v. 2345, p. 19-32, 2010.

TAPHORN, D.C.; ARMBRUSTER, J.W.; VILLA-NAVARRO, F.; RAY, C.K. TransAndean *Ancistrus* (Siluriformes: Loricariidae). *Zootaxa*, v. 3641, n. 4, p.343-370, 2013.

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. 111. Cladogram estimation. *Genetics*, v. 132, p. 619633, 1992.

VILA, C.; MALDONADO, J. E.; WAYNE, R. K. Phylogenetic Relationships, Evolution and Genetic Diversity of the Domestic Dog. *The American Genetic Association*, v.90, p.71-77, 1997.

VILLELA, L.C.V.; ALVES, A.L.; VARELA, E.S.; YAMAGISHI, M.E.B.; GIACHETTO, P.F.; DA SILVA, N.M.A.; PONZETTO, J.M.; PAIVA, S.R.; CAETANO, A.R. Complete mitochondrial genome from South American catfish *Pseudoplatystoma reticulatum* (Eigenmann & Eigenmann) and its impact in Siluriformes phylogenetic tree. *Genetica* (Dordrecht. Online) v. 144, p. 1-16, 2017.



- WANG, J.; LIN, H.; HUANG, S.; PAN, C.; CHEN, X.; CHIANG, T. Phylogeography of *Varicorhinus barbatulus* (Cyprinidae) in Taiwan based on nucleotide variation of mtDNA and allozymas. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v. 31, p. 1143-1156, 2004.
- WARD, R.D. Genetics in Fisheries Management. *Hydrobiology*, v. 420, p. 191-201, 2000.
- WARD, R.D.; ZEMLAK, T.S.; INNES, B.H.; LAST, P.R.; HEBERT, P.D. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, v. 360, p. 1847-1857, 2005
- WAUGH, J. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. *BioEssays*, v. 29, p. 188-197, 2007.
- WELCOMME, R.L. Fish biodiversity in floodplain and their associated Rivers. In GOPAL, B.; JUNK, W.; DAVIS, J. A. (eds). *Biodiversity in wetland assessment, function and conservation Netherlands: Backhuys publishers*, p. 61-87, 2000.
- WILLIS, S.; NUNES, M.S.; MONTANA, C.; FARIAS, I.P.; LOVEJOY, N. Systematics, biogeography, and evolution of the Neotropical peacock basses *Cichla* (Perciformes: Cichlidae). *Molecular Phylogenetic and Evolution*, v. 44, p. 291-307, 2007.
- WONG, L.L; PEATMAN E.; LU, J.; KUCUKTAS, H; He S., et al. DNA Barcoding of Catfish: Species Authentication and Phylogenetic Assessment. *PLoS ONE* 6(3): e17812, 2011.
- XIA, X.; XIE, Z. DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution. *Journal of Heredity*, v. 92, p. 371-373, 2001.