



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU



Departamento de Biologia Estrutural e Funcional

Laboratório de Biologia e Genética de Peixes

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO

DNA barcode de espécies raras de peixes da costa brasileira

Loriane Pereira Maximiano

Botucatu – SP

2022



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU



Departamento de Biologia Estrutural e Funcional

Laboratório de Biologia e Genética de Peixes

DNA barcode de espécies raras de peixes da costa brasileira

Loriane Pereira Maximiano

Orientador: Prof. Dr. Claudio Oliveira

Co-orientador: Dr. Alexandre Pires Marцениuk

Dissertação apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Ciências Biológicas
(Zoologia) do Instituto de Biociências de
Botucatu, Universidade Estadual Paulista
“Júlio de Mesquita Filho” - UNESP,
para a obtenção do título de Mestre.

Botucatu – SP

2022

FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA SEÇÃO TÉC. AQUIS. TRATAMENTO DA INFORM.
DIVISÃO TÉCNICA DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - CÂMPUS DE BOTUCATU - UNESP
BIBLIOTECÁRIA RESPONSÁVEL: ROSEMEIRE APARECIDA VICENTE-CRB 8/5651

Maximiano, Loriane Pereira.

Dna barcode de espécies raras de peixes da costa
brasileira / Loriane Pereira Maximiano. - Botucatu, 2022

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista
"Júlio de Mesquita Filho", Instituto de Biociências de
Botucatu

Orientador: Cláudio Oliveira

Coorientador: Alexandre Pires Marceniuk

Capes: 20406010

1. Peixes - Identificação. 2. Biodiversidade. 3. Código
de Barras de DNA Taxonômico. 4. DNA mitocondrial. 5. Genes
mitocondriais.

Palavras-chave: Barcode; COI; DNA mitocondrial ; Peixes.

“Não sou nada.

Nunca serei nada.

Não posso querer ser nada.

À parte isso, tenho em mim todos os sonhos do mundo.”

Fernando Pessoa

Agradecimentos

À Deus e aos bons espíritos que me acompanham nessa vida.

Agradeço à minha mãe, Beatriz, por me permitir e sonhar meus sonhos comigo.

Ao meu companheiro Luiz Fernando, por ser meu porto seguro e partilhar a vida ao meu lado. Ao meu filho, Vicente, que é por quem eu sigo tentando ser melhor e deixar um bom exemplo. À toda minha família, por todo o suporte que me fez chegar até aqui.

A Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho – UNESP e todos os funcionários que sempre estão dispostos a ajudar.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Cláudio, pela oportunidade e todo empenho que dedica aos alunos e à ciência com excelência e profissionalismo, sem perder o bom humor e a humildade. Ao meu co-orientador, Dr. Alexandre, por todos os ensinamentos. Ao Prof. Dr. Fausto pelos conselhos e conversas inspiradoras.

Aos meus amigos do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes, Vanessa, Beatriz, Giovana, May, Najila, Mormaço, Cristhian, Burns, Rafa, Deus, por todos os bons momentos compartilhados. À Angélica e Silvana, em especial, por toda troca que tivemos e que ainda teremos: vocês fizeram desses anos muito mais especiais, sou eternamente grata pelos ensinamentos, broncas, risadas e tudo mais que compartilhamos. Espero que as amizades conquistadas durante esses anos perdurem, sempre levarei todos em meus pensamentos!

Obrigada!

Resumo

Os oceanos abrangem cerca de 70% da superfície terrestre. Entretanto, pouco se sabe sobre a diversidade e aspectos genéticos da fauna marinha. A ausência de material em coleções zoológicas representativas e falta de estudos taxonômicos dificultam o reconhecimento da diversidade de peixes marinhos brasileiros, tendo como consequência comparações globais limitadas. Devido às dificuldades no reconhecimento da diversidade de peixes marinhos somente através de identificações morfológicas, técnicas moleculares vêm sendo desenvolvidas e utilizadas, dentre elas o DNA barcode, que consiste em um sistema diagnóstico universal, baseado em um fragmento de aproximadamente 650 pares de base do gene mitocondrial citocromo oxidase subunidade 1. Em nosso estudo utilizamos essa ferramenta para analisar espécies de peixes pouco comuns em coleções zoológicas, para contribuir com a formação de um banco de dados de sequências de espécies de peixes marinhos distribuídas ao longo da costa brasileira e compará-las com sequências ao longo de sua distribuição. No total, 57 espécimes de 21 espécies, 18 gêneros, 13 famílias e 7 ordens tiveram seus fragmentos de DNA barcode amplificados por PCR e sequenciados. Os resultados foram apresentados em árvores de distâncias com o algoritmo Neighbor-Joining (NJ) e tiveram suas distâncias genéticas calculadas de acordo com o melhor modelo evolutivo sugerido para a análise, além da análise ABGD (*Automatic Barcode Gap Discovery For Primary Species Delimitation*).

Nossos resultados geraram as primeiras sequências brasileiras em banco de dados para as espécies *Echiophis intertinctus* e *Conger orbignyanus*, e corroboram com a técnica de DNA barcode como ferramenta eficiente na identificação e discriminação de peixes da costa brasileira, bem como identificar possíveis casos de sinonimização e especiação desses indivíduos.

Abstract

The oceans cover about 70% of the Earth's surface. Meanwhile, little is known about the diversity and genetic aspects of marine fauna. In the absence of representative zoological collections and taxonomic studies, it becomes difficult or reconstructive of the diversity existing in the Brazilian marine environment, resulting in limited global comparisons. Due to the difficulties, the diversity of marine fish is not reconciled through morphological identifications, molecular techniques that are being developed and used, within them or barcode DNA, which consists of a universal diagnosis system, based on a fragment of approximately 650 base pairs of the gene, mitochondrial cytochrome c oxidase subunit 1. In our study, we used this tool to analyze species of fish, few common in zoological collections, to contribute to the formation of a database of sequences of marine fish species distributed along the Brazilian coast and to compare the sequences in the long term. its distribution. Total number, 57 specimens of 21 species, 18 genera and 13 families and 7 orders had their barcode DNA fragments amplified by PCR sequenced. The results are presented in Neighbour-Joining (NJ) distance trees, and their genetic divergences are calculated according to the evolutionary model suggested for analysis.

Our results generated the first brazilian sequences in a database for the species *Echiophis intertinctus* and *Conger orbignyanus* and corroborate the DNA barcode technique as an efficient fermentation in the identification and discrimination of fish off the Brazilian coast, as well as in the identification of possible cases of synonymization and speciation of individuals.

Sumário

1.0	Introdução.....	1
1.1	Biodiversidade brasileira.....	1
1.2	DNA Barcoding e sua aplicação.....	2
1.3	Espécies estudadas.....	4
1.3.1	Ordem Carangiformes.....	7
1.3.2	Ordem Perciformes.....	13
1.3.3	Ordem Scombriformes.....	15
1.3.4	Ordem Anguiliformes.....	18
1.3.5	Ordem Acanthuriformes.....	24
1.3.6	Ordem Pleuronectiformes.....	27
1.3.7	Ordem Beloniformes.....	29
2.0.	Justificativa.....	32
3.0	Objetivos.....	33
3.1	Objetivos específicos.....	33
4.0	Materiais e Métodos.....	33
4.1	Obtenção das amostras.....	33
4.2	Extração e sequenciamento de DNA.....	34
4.3	Análise de dados.....	35
5.0	Resultados.....	36
5.1	Família Echeneidae.....	36
5.2	Família Rachycentridae.....	38
5.3	Família Carangidae.....	41
5.4	Família Haemulidae.....	50
5.5	Família Scombridae.....	54
5.6	Família Labridae.....	56

5.7	Família Congridae.....	60
5.8	Família Muraenesocidae.....	62
5.9	Família Ophichthidae.....	64
5.10	Família Scianidae.....	68
5.11	Família Cyclopsettidae.....	72
5.12	Família Belonidae.....	74
5.13	Família Exocoetidae.....	76
6.0	Discussão.....	79
7.0	Conclusão.....	86
8.0	Referências.....	86
9.0	Apêndices.....	101
9.1	Apêndice 1 – Classificação e dados de coleta dos indivíduos gerados.....	101
9.2	Apêndice 2 – Gráficos das análises ABGD.....	104

1.0 Introdução

1.1 Biodiversidade brasileira

O termo biodiversidade tem adquirido amplo uso entre biólogos, ambientalistas, líderes políticos e cidadãos comuns em todo o mundo. O uso do termo coincide com o aumento da preocupação com a degradação do meio ambiente e a perda de espécies nas últimas décadas do século XX. A preocupação com a perda da biodiversidade foi recentemente demonstrada pelo meio científico com o diagnóstico das regiões mais ricas biologicamente e ameaçadas do planeta (Myers *et al*, 2000), consideradas como hotspots de biodiversidade. A definição de biodiversidade, adotada pela Convenção sobre a Diversidade Biológica (CDB), é a variabilidade entre os seres vivos de todas as origens, terrestre, marinha e outros ecossistemas aquáticos e os complexos ecológicos dos quais fazem parte (Brasil, 2000). Essa definição está relacionada diretamente à diversidade genética, que é responsável pela variação entre indivíduos, populações e espécies biológicas (Joly *et al*, 2011).

O Brasil é detentor da maior diversidade biológica do planeta, contando com 10% a 20% do número total de espécies mundiais (Lewinsohn e Prado, 2005). Em relação a biodiversidade terrestre, o país é reconhecido como “*hottest hotspots*” devido a seu elevado grau de endemismo (Lewinsohn e Prado, 2005), porém muito pouco é conhecido sobre a biodiversidade marinha do Brasil (Couto *et al*, 2003; Amaral e Jablonski, 2005). Apesar de muitas pesquisas sugerirem que a variedade e grau de endemismo de espécies marinhas é muito alta, a ausência de espécimes depositadas em coleções zoológicas representativas da biodiversidade dificultam o reconhecimento da real diversidade existente no ambiente marinho brasileiro, tendo como consequência comparações globais limitadas (Couto *et al*, 2003; Marceniuk *et al*, 2013).

Embora muito se fale em biodiversidade nos dias de hoje, pouco se investe em levantamentos taxonômicos abrangentes e sistematizados (Lana, 2003; Marceniuk *et al*, 2013). Apesar da alta biodiversidade, existem poucos taxonomistas trabalhando com organismos marinhos no Brasil (Couto *et al*, 2003; Amaral e Jablonski, 2005), condição preocupante considerando que trabalhos de natureza taxonômica compreendem a base do conhecimento sobre a biodiversidade (Lewinsohn e Prado, 2002).

No “Catálogo das Espécies de Peixes Marinhos do Brasil”, Menezes *et al*. (2003) listam 1.297 espécies, com informações sobre área de distribuição, classificação e nomenclatura dos peixes marinhos e estuarinos do Brasil, reconhecendo a existência de um número subestimado de espécies de peixes marinhos encontradas em águas brasileiras. Nesse sentido, admite-se que entre a fauna de peixes demersais miniaturizados e peixes de profundidade, existam espécies não descritas, sendo que o mesmo dito em relação de áreas costeiras pouco amostradas e estudadas (Marceniuk *et al*, 2013).

1.2 DNA Barcoding e sua aplicação

O sequenciamento de DNA é uma ferramenta reconhecidamente eficaz para distinção entre espécies, seja por acesso direto ou indireto, através da análise de proteínas. Na tentativa de padronizar o marcador utilizado na identificação molecular de espécies animais, pesquisadores da Universidade de Guelph (Ontário, Canadá) propuseram a criação de um sistema diagnóstico universal, baseado em um fragmento de aproximadamente 650 pares de base (pb), a partir da base 58 da extremidade 5’ do gene citocromo C oxidase subunidade I (COI). Esse processo foi denominado “DNA Barcoding”, pois sequências desse gene funcionariam como um “código de barras” daquela espécie, ou seja, como um sistema de identificação universal adequado para a maioria das espécies animais (Hebert *et al*, 2003).

O gene COI apresenta elevadas taxas de mutação e altos níveis de polimorfismo, que podem revelar múltiplas linhagens genéticas dentro e entre espécies, além de sua herança materna presumir a não ocorrência de recombinações permitindo traçar as linhagens individuais, em seu tempo e espaço (Hebert, 2003a). A habilidade de identificar espécies através de um gene abre as portas para uma melhor compreensão das interações entre as espécies e pode ser útil para estimar sobre a composição e riqueza de espécies em um ecossistema (Valentini *et al*, 2009). A identificação inequívoca dos peixes, de ovos a adultos, bem como seus produtos, é importante para diversas áreas da biologia (Smith *et al*, 2008), podendo viabilizar a melhoria de pesquisas em conservação, bem como auxiliar a identificação de espécies crípticas (Hebert *et al*, 2004).

Tendo em vista essa perspectiva, foi criado um banco gênico de sequências de DNA (*DNA Barcoding*) para o depósito de sequências de todas as espécies que possuam essas sequências publicadas, assim como as demais espécies, que posteriormente, também tivessem suas sequências estudadas. Esse banco de dados, denominado de BOLD Systems (Barcode of Life Data Base) permite associar outros tipos de dados às amostras tais como: fotos do espécime (voucher), localidade geográfica, data e coletor, número do espécime, instituição na qual foi depositado o voucher, dados taxonômicos e informações moleculares, como eletroferogramas das sequências e primers utilizados na amplificação e no sequenciamento (Neto, 2013).

O Consórcio para o Código de Barras da Vida (CBOL) foi lançado em maio de 2004 com o propósito de promover o desenvolvimento das alianças internacionais de investigação necessárias para construir, ao longo de um período estimado em 20 anos, a biblioteca de códigos de barras para todos os eucariotos (Ratnasingham e Hebert, 2007) e agrupa iniciativas para o estudo de grupos específicos, como o FishBOL (<http://www.fishbol.org/>), uma iniciativa mundial de reunir uma biblioteca de sequências

barcoding para todos os peixes. No Brasil, existe o BrBOL, que tem como objetivo estudar representantes de toda a biodiversidade brasileira, lançando as bases para sua identificação molecular.

1.3 Espécies estudadas

1.3.1 Ordem Carangiformes

A ordem Carangiformes é uma importante ordem de peixes ósseos, agrupando 31 famílias, 221 gêneros e 1178 espécies (Fricke *et al*, 2021).

Família Echeneidae Linnaeus, 1758

A família Echeneidae contém três gêneros, com oito espécies válidas. Habitam ambientes costeiros, de recife e de oceano aberto.

Esses peixes são conhecidos como rêmoras, possuem corpo alongado e cabeça achatada e tem como característica um disco de sucção no topo de sua cabeça que permite com que esses animais se fixem outros peixes, tartarugas, navios e vários outros objetos para locomoção (O'Toole, 2002). Pesquisadores propuseram que esse comportamento evoluiu como um meio de aumentar o acesso aos recursos alimentares, reduzir o custo do transporte e fornecem proteção contra predadores (O'Toole, 2002; Beckert *et al*, 2016).

Gênero *Remora* Gill, 1862

Possui cinco espécies válidas, cosmopolitas de águas quentes e tropicais.

Remora osteochir (Cuvier, 1829)

Possui corpo alongado e cilíndrico, largo na origem da cabeça e afinando gradualmente em direção ao pedúnculo caudal. A parte superior do corpo é preta esverdeada, enquanto a inferior é cinza escura com as nadadeiras marrom escuras (Shirke, *et al*, 2021). É encontrada globalmente, em mares tropicais e subtropicais. O “marlin sucker”, *R. osteochir* (figura 1), é bastante comum em peixes oceânicos. Um estudo de

O'Toole (2002), revelou 495 espécimes em 18 tipos diferentes de hospedeiros, sendo o hospedeiro com maior prevalência o Agulhão, *Istiophorus albicans*, que correspondeu à 23% dos exemplares registrados. Esta parece ser uma pequena porcentagem em comparação com outras espécies do gênero *Remora*; no entanto, 98% espécimes de *R. osteochir* foram encontradas em membros da subfamília Istiophorinae. Assim, é restrito em escolha do hospedeiro, escolhendo membros de um clado altamente derivado como hospedeiros, e a natureza dessas relações parece ser mutualística, de acordo com o mesmo estudo. Dados da dieta indicam que essa espécie utiliza copépodes parasitas como importante parte de sua dieta; também indicam que essa espécie não muda sua dieta à medida que aumenta em tamanho (Cressey e Lachner 1970).



Figura 1. *Remora osteochir*. Fonte: Trevor. M.N. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Remora albescens (Temminck & Schlegel 1850)

A rêmora branca, ou white suckerfish, *Remora albens* (anteriormente pertencente ao gênero *Remorina*) (figura 2), é um peixe oceânico raro. Possui corpo relativamente curto, fusiforme, nadadeiras pélvicas fixadas ao abdômen na base e peitorais grandes; sua coloração é branca a cinza claro, em alguns casos com tons amarelos, incluindo disco e barbatanas (Cervigón, 1993). Possui tamanho médio de 30 cm. Há registros em todos os trópicos. No Atlântico Ocidental é distribuída da Flórida ao Brasil (Robins *et al*, 1986), chegando ao Arquipélago de São Pedro e São Paulo no Atlântico Equatorial à nordeste do Brasil (Lubbock e Edwards, 1981).

É quase exclusivamente encontrado em espécies de raias manta (*Mobula hypostoma* e *Manta birostris*), muitas vezes entrando em suas câmaras branquiais (Farfan *et al*, 2009). Segundo O'Toole, em um levantamento com 30 espécimes, 5 hospedeiros diferentes foram reportados. Desses, 90% eram raias manta. Exames da dieta de *R. albens* revelam que esta espécie se alimenta muito pouco de copépodes. Isso pode ser atribuído ao fato de que as raias manta não são externamente parasitadas com frequência por copépodes e, portanto, haveria pouca disponibilidade de alimento para as rêmoras (Cressey e Lachner, 1970). Portanto, sua relação com o hospedeiro não pôde ser avaliada como em relações de outras espécies de rêmoras.



Figura 2. *Remora albescentis*. Fonte: Walter, T. Retirado de Fishbase

(<http://www.fishbase.org>)

Família Rachycentridae Gill, 1896

A família Rachycentridae possui apenas uma espécie válida, alocada em um único gênero. Amplamente distribuída, ocorre em águas tropicais e subtropicais (Psomadakis, 2019).

Gênero *Rachycentron* Kaup, 1826

Rachycentron canadum é a única espécie pertencente à família Rachycentridae e nenhuma subespécie é reconhecida (Shaffer e Nakamura, 1989).

Rachycentron canadum (Linnaeus 1766)

Conhecido popularmente como bijupirá ou cobia (figura 3), é uma espécie de grande porte, pelágica e migradora, que pode ser encontrada por toda a costa brasileira em áreas costeiras e de alto mar, e, ocasionalmente, em águas rasas com fundo rochoso

ou de recife (Psomadakis, 2019). Possui tamanho médio de 80-90 cm, podendo chegar a mais de 2 m de comprimento e atingir até 60 kg. Corpo subcilíndrico e alongado, com cabeça grande e achatada e escamas pequenas; sua coloração é marrom escuro, sendo o ventre amarelado, apresentando duas faixas prateadas ao longo do corpo (Menezes e Figueiredo, 2000). São conhecidos por irem para áreas de grande abundância de alimentos, particularmente de caranguejos e outros crustáceos (Darracott, 1977).



Figura 3. *Rachycentron canadum*. Fonte: Randall, J.E. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Família Carangidae Rafinesque 1815

A família Carangidae é formada por cerca de 150 espécies, distribuídas nos oceanos Atlântico, Índico e Pacífico, pertencentes a 30 gêneros (Nelson, 2016), divididos em quatro sub-famílias (Kimura *et al.*, 2013). Os carangídeos são pelágicos e frequentes em estuários e em baías. Algumas espécies podem estar relacionadas a recifes de corais mas ocorrem principalmente em ambientes estuarinos (Menezes & Figueiredo, 1980; Carpenter, 2002). Conhecidos popularmente como “jacks”, “lamberjacks” (Reed, 2002), xaréus, xareletes, pamos, peixes-galo, entre outros.

Gênero *Parona* Berg 1895

Possuem uma linha lateral incomum com 6 - 9 ramos dorsais, o corpo comprimido e nadadeiras pélvicas ausentes, o que sugere que sua ecologia difere da maioria dos

carangídeos (Smith-Vaniz, Staiger, 1973). Restrito a ambientes subtropicais e temperados, é representado por uma única espécie *Parona signata* (Jenyns 1841).

Parona signata (Jenyns 1841)

Conhecida popularmente como “pampo macho”, “pampo solteiro” ou “Parona leatherjacket” (figura 4), são peixes pelágicos costeiros que ocorrem na América do Sul, do Rio de Janeiro ao Estreito de Magellan e Ilhas Malvinas (Cousseau e Perrotta, 2013). Corpo fortemente comprimido, com uma mancha preta alongada, horizontal e visível nas laterais abaixo das nadadeiras peitorais; os adultos podem chegar a 60 cm de comprimento (Smith-Vaniz e Staiger, 1973). Habita tanto águas quentes como frias, marinhas e salobras e se alimenta de peixes e crustáceos de águas profundas e superficiais (Pavlisko *et al*, 1997). É carnívoro, tendo como principal fonte de alimento organismos de comunidades pelágicas e bentônicas (Perrota *et al*, 2006).



Figura 4. *Parona signata*. Fonte: Cosseau, M. B. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Gênero *Trachinotus* Lacepède 1801

Representado por 20 espécies distribuídas em oceanos tropicais e subtropicais (Cunha, 1987), são vulgarmente conhecidos como pompanos.

Trachinotus marginatus Cuvier, 1832

Conhecidos popularmente como “pampo” ou “pampo-malhado”, *T. marginatus* (figura 5) possuem o corpo fusiforme e lateralmente comprimido; dorso castanho a acinzentado, laterais prateadas e ventre branco a amarelado. Apresentam 4-7 manchas escuras ovaladas sobre a linha lateral, a primeira mancha sobre a nadadeira peitoral e a última sobre o pedúnculo caudal (Cunha, 1987). Atingem aproximadamente 70 cm de comprimento. Ocorre do Rio de Janeiro ao norte da Argentina; é um peixe costeiro que tem preferência por águas estuarinas e turvas (Fischer *et al*, 2004). Alimenta-se principalmente de crustáceos, moluscos, juvenis de tainhas e outros peixes, além de insetos (Helmer *et al.*, 1995).



Figura 5. *Trachinotus marginatus*. Fonte: Carvalho Filho, A. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Gênero *Trachurus* Rafinesque 1810

Atualmente, 15 espécies de o gênero *Trachurus* são reconhecidas globalmente (Karaïskou, 2003).

Trachurus lathami Nichols, 1920

Conhecido popularmente como “chicharra” ou “rough scad” (figura 6), é um peixe de pequeno porte, pelágico, e o único representante do gênero observado no Atlântico Ocidental, desde o Golfo de Maine até o norte da Argentina (Berry e Smith-Vaniz 1978; Menezes *et al*, 2003). Corpo alongado e ligeiramente comprimido; olho grande e pálpebra adiposa bem desenvolvida; parte superior do corpo e topo da cabeça escura, azul clara ou escuro, ou verde azulada; parte inferior do corpo e cabeça prateados a esbranquiçados, ou amarelados a dourados; nadadeiras pélvicas, peitoral e anal claras (Carpenter, 2002). É uma espécie demersal-pelágica, com tamanho máximo de cerca de 40 cm de comprimento e 0,5 kg de massa (Menezes e Figueiredo, 1980), ocorrendo em águas de 50 a 100m de profundidade. Se alimenta principalmente de larvas e ovos de pequenos peixes e invertebrados (Carvalho e Soares, 2006).



Figura 6. *Trachurus lathami*. Fonte: Fischer, L.G. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Gênero *Uraspis* Bleeker 1855

O gênero *Uraspis* é caracterizado pela presença de uma língua branca e espinhos da nadadeira anal embutidos (Lin e Shao, 1999). Este gênero é composto por três espécies, *U. helvola* (Forster, 1801), *U. secunda* (Poey, 1860) e *U. uraspis* (Günther, 1860) (Yeo, 2016).

Uraspis secunda (Poey, 1860)

Conhecidos como “cara de gato”, “cottonmouth jack” (figura 7), *U. secunda* possui corpo alongado-ovalado, ligeiramente comprimido; corpo e cabeça com tons escuros, língua e interior da boca branco ou creme e o restante azul-escuro; pode emitir grunhidos quando capturado (Carpenter, 2002). Os indivíduos jovens são de cor pálida com seis ou sete listras marrons, enquanto os adultos geralmente são escuros sem listras (Smith-Vaniz, 1986). De hábito pelágico, pode ser observado em muitos oceanos, incluindo Oceano Pacífico, Índico e Atlântico (Riede, 2004). *U. secunda* foi encontrado principalmente entre profundidades de 20 a 150 m, perto de costas ou ilhas.



Figura 7. *Uraspis secunda*. Fonte: Noble, B. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

1.3.2 Ordem Perciformes

A ordem Perciformes é a maior ordem dentre todos os vertebrados e a mais diversa entre os peixes, com 20 subordens, 160 famílias e mais de 10.000 espécies. As características que agrupam as famílias dessa ordem são: presença de espinhos nas nadadeiras dorsal e anal; um espinho e cinco ou menos raios na nadadeira pélvica; ausência de nadadeira adiposa; presença de 17 ou menos raios principais na nadadeira caudal; e presença de quatro arcos branquiais (Bonecker *et al*, 2014).

Família Haemulidae Gill, 1885

A família Haemulidae é amplamente diversa e distribuída. Contém cerca de 133 espécies, atualmente classificadas em 19 gêneros (Nelson, 2016), agrupados em duas subfamílias (Haemulinae, Plectorhynchinae) (Johnson, 1980).

Gênero *Pomadasys* Lacepède 1802

Representado por 26 espécies distribuídas ao redor do mundo (Bandeira, 2002), são popularmente conhecidos como “roncadores” ou “grunts”, devido ao som que emitem ao rangir seus dentes faríngeos (Lindeman e Toxey, 2002). Se diferenciam dos demais gêneros da família por apresentarem raios e membranas inter-radiais das nadadeiras dorsal e anal desprovidas de escamas, borda pré-opercular fortemente serrilhada, segundo espinho da nadadeira anal muito desenvolvido e nadadeira dorsal evidentemente dividida em duas (Cervigón, 1993).

Pomadasys curvinaeformis (Steindachner, 1868)

Conhecidos popularmente como “coró”, *P. curvinaeformis* (figura 8) possui corpo alongado, cinza prateado, mais escuro no dorso; listras escuras longitudinais nos flancos e pálidas no ventre. De pequeno porte, atingem até 25 cm e 0,3 kg. São abundantes em praias arenosas, estuários, lagoas salobras, baías, canais, recifes e costões rochosos

próximos, até cerca de 50 metros de profundidade; entram em mangues e rios costeiros e preferem águas turvas. Alimentam-se principalmente de invertebrados bentônicos, peixes e algas e formam pequenos ou grandes cardumes (Garcia Jr *et al*, 2010). Ocorrem de Belize e Cuba até o Rio Grande do Sul.



Figura 8. *Pomadasys curvinaeformis*. Fonte: Togni, G. L. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Pomadasys ramosus (Poey, 1860)

Diferenciam-se de *P. corvinaeformis* por apresentarem o segundo espinho da nadadeira anal bastante desenvolvido em relação ao terceiro espinho e aos raios desta nadadeira (Osório *et al*, 2005) (figura 9). A extremidade posterior da maxila não atinge a vertical que passa pela margem anterior da órbita e seu perfil dorsal anterior (da ponta do focinho à região occipital) é quase reto; cabeça e região dorsal do corpo com coloração mais escura e linhas longitudinais indistintas na região latero-superior (Menezes e Figueiredo, 1980). Sua distribuição se dá do Caribe até o Rio de Janeiro (Menezes *et al*, 2003).



Figura 9. *Pomadasys ramosus*. Fonte: Macieira, R.M. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

1.3.3 Ordem Scombriformes

A ordem Scombriformes abriga 16 famílias, 102 gêneros e 356 espécies (Fricke *et al*, 2021).

Família Scombridae Rafinesque, 1815

Conhecidos como cavalas, bonitos e atuns, distribuem-se em 15 gêneros e cerca de 50 espécies de peixes marinhos divididos em 2 subfamílias: Gasterochismatinae (que inclui apenas o gênero *Gasterochisma*) e *Scombrinae* (todos os demais gêneros) e possuem diversas adaptações morfológicas e fisiológicas (Collette *et al*, 2001). Os peixes da família Scombridae, têm as mais altas taxas digestivas e metabólicas e as maiores especializações para rápida locomoção que de quaisquer outros peixes (Magnuson, 1979), devido suas altas taxas de migração.

Gênero *Sarda* Cuvier 1829

Vulgarmente chamados de “bonitos”, o gênero *Sarda* pertence a subfamília *Scombrinae* e possui quatro espécies válidas amplamente distribuídas (Collete, 1975).

Sarda sarda (Bloch 1793)

Conhecidos como “sarda”, “bonito”, “bonito do atlântico”, *S. sarda* (figura 10) é o único membro do gênero distribuído ao longo da região tropical e costas temperadas do Oceano Atlântico, o Mar Mediterrâneo e Mar Negro (Collette e Chao, 1975). Se alimentam principalmente de pequenos cardumes e invertebrados como lulas e camarões. Podem engolir presas relativamente grandes e tanto os juvenis quanto os adultos são conhecidos por serem canibais (Collette e Nauen, 1983). Dorso e lados superiores azul-prateado, com 5 a 11 listras escuras, ligeiramente oblíquas, espalhando-se para a frente e para baixo; lados inferiores e parte ventral prateada (Fischer *et al*, 1981).



Figura 10. *Sarda sarda*. Fonte: Duarte, C e Niny, P.M. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Família Labridae Cuvier, 1816

A família Labridae é reconhecida pela sua diversidade. Possui mais de 600 espécies de peixes, distribuídas em 82 gêneros (Parenti e Randall, 2000). Mudanças estruturais no crânio, principalmente nas mandíbulas e dentição, permitiu que os “bodiões” explorassem uma grande variedade de presas do zooplâncton, além de ectoparasitas de crustáceos e peixes e gastrópodes de casca pesada e bivalves (Westneat

et al. 2005). Habitam águas rasas e podem ser encontrados em uma variedade de lugares, como recifes de coral, recifes rochosos, areia, grama e algas (Westneat, 2001).

Gênero *Xyrichtys* Cuvier 1814

Possui 11 espécies válidas, conhecidas globalmente como “razorfishes”. Peixes desse gênero, apresentam o comportamento de se enterrar no substrato (Katsanevakis, 2005) ao notarem a presença de possíveis ameaças (Box *et al.*, 2010).

Xyrichtys novacula (Linnaeus, 1758)

Conhecidos vulgarmente como “bodião de areia” e “pearly razorfish”, *X. novacula* (figura 11) habita águas rasas claras com fundos arenosos. É uma espécie subtropical, encontrada no Atlântico Ocidental, da costa da Carolina do Norte, passando pelo Caribe até o Brasil, e no Atlântico Leste, da costa sul da Espanha ao sul do Cabo Lopez, incluindo as ilhas do Mediterrâneo e muitas ilhas do Atlântico, em profundidades de 1 a 90 m (Katsanevakis, 2005). Corpo profundamente comprimido; perfil dorsal da cabeça arredondado; a parte da frente da cabeça forma uma margem aguda; parte dorsal verde fosco, lados alaranjados com uma marca azul em cada escala; uma barra vermelha vertical presente nas laterais, posteriores às nadadeiras peitorais; possuem linhas oblíquas alternadas em azul e laranja localizadas posteriormente nas nadadeiras dorsal e anal; linhas verticais semelhantes presentes na barbatana caudal (Fischer *et al.*, 1981).

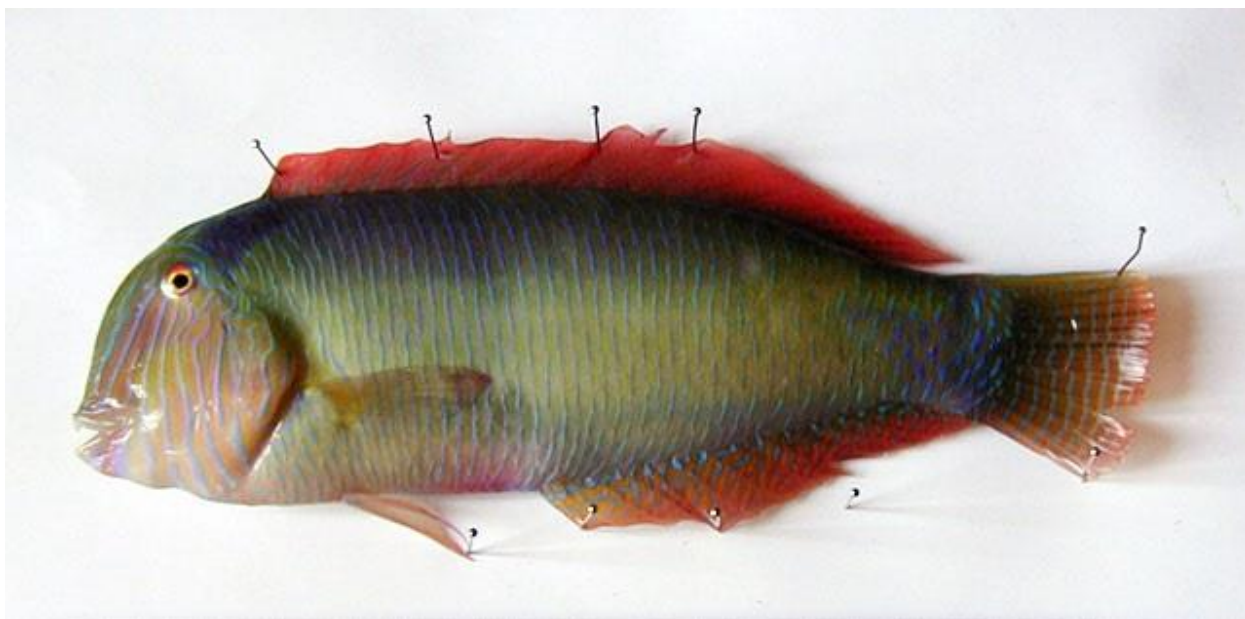


Figura 11. *Xyrichtys novacula*. Fonte: Pedrelli, S. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

1.3.4 Ordem Anguilliformes

A ordem Anguilliformes é composta por 15 famílias com aproximadamente 791 espécies, conhecidas popularmente como enguias ou moréias. Caracterizadas por possuírem nadadeira caudal pequena e contínua com as nadadeiras dorsal e anal e nadadeiras pélvicas ausentes. Nadadeiras peitorais podem ser presentes ou ausentes, sendo de tamanho reduzido em alguns casos (Bonecker *et al*, 2014). São peixes alongados com numerosas vertebrae. Corpo cilíndrico e posteriormente comprimido; geralmente marrons ou cinza, com barbatanas dorsal e anal com bordas pretas, pelo menos posteriormente (Fischer *et al*, 1981).

Família Congridae Kaup, 1856

A família Congridae, compreende 32 gêneros com 160 espécies marinhas, que ocorrem nas regiões tropicais e temperadas dos oceanos Atlântico, Índico e Pacífico (Bonecker *et al*, 2014). Ocorrem de perto da costa até profundidades de quase 2.000 m (Fischer *et al*, 1981), carnívoros, predam uma grande variedade de organismos, como peixes e invertebrados.

Gênero *Conger* Bosc 1817

O gênero *Conger* compreende atualmente 14 espécies, com nove espécies ocorrendo no Oceano Indo-Pacífico e cinco no Oceano Atlântico (Figueroa *et al*, 2009).

Conger orbignianus Valenciennes 1837

Conhecidos como “congro-preto”, *C. orbignianus* (figura 12), possui corpo alongado e cilíndrico, robusto. A barbatana dorsal origina-se atrás da extremidade da barbatana peitoral, sendo contínua com a caudal e anal; cinza escuro ou marrom escuro, as barbatanas dorsal e caudal têm uma borda preta; podem chegar até 135 cm (Bovcon e Cochia, 2007). Sua distribuição é restrita ao Atlântico sudoeste (Mincarone e Smith, 2005), indo do Rio de Janeiro até a Argentina (Figueroa *et al*, 2009).



Figura 12. *Conger orbignianus*. Fonte: Cosseau, M.B. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Família Muraenesocidae Kaup, 1859

Com 5 gêneros e 9 espécies válidas, todas as espécies da família Muraenesocidae são predadoras agressivas e vivem em águas relativamente rasas, geralmente encontradas em profundidades com menos de 50 m (Carpenter, 1981). Assim como as outras enguias, possui corpo cilíndrico, comprimido posteriormente. Boca grande, se estendendo até atrás do olho; olhos bem desenvolvidos; aberturas branquiais grandes, separadas, dispostas

logo à frente da nadadeira peitoral; uma série de dentes alargados, semelhantes a presas, na linha média do céu da boca; nadadeira dorsal acima ou ligeiramente à frente das nadadeiras peitorais; nadadeiras pélvicas ausentes (Fischer *et al*, 1981).

Gênero *Cynoponticus* Costa, 1845

Conhecidos como “pike congers”, esse gênero possui 3 espécies válidas, sendo que somente *Cynoponticus savanna* é encontrada no Atlântico Ocidental (Smith, 1989).

Cynoponticus savanna (Bancroft 1831)

O *Cynoponticus savanna*, conhecido vulgarmente como “miroró” ou “guayana pike conger” (figura 13), possui corpo marrom-escuro na parte superior, com tons mais claros na parte inferior e quase branco no ventre, com nadadeiras escuras (Neto, 2015). Podem atingir mais de 1 metro. Habitam profundidades variadas, bem como poças do litoral, de fundo rochoso, e até mesmo regiões estuarinas. Sua distribuição vai do Atlântico Ocidental, das Antilhas ao Brasil, mais comumente do Nordeste ao Rio de Janeiro (Figueiredo e Menezes, 1978). Sua alimentação consiste basicamente em invertebrados bentônicos e peixes (Smith, 1989).



Figura 13. *Cynoponticus savanna*. Fonte: Rotundo, M. M. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Família Ophichthidae Günther, 1870

É a mais diversa família das enguias, abrangendo 62 gêneros e aproximadamente 330 espécies (Fricke e Eschmeyer, 2021) conhecidas como “snake eels”. Ocupam ambientes tropicais e subtropicais, incluindo fundos de areia e lama próximos à costa, estuários e recifes de coral, variando entre o intertidal arenoso e profundidades de 800 m; no entanto, a maioria vive em áreas mais rasas que 200 m. Possuem focinhos e caudas afiados corpos cilíndricos e fortes bem adaptados à escavação, sendo que muitas espécies passam a maior parte de suas vidas adultas enterradas no sedimento raso (McCoske, 2002).

Gênero *Echiophis* Kaup, 1856

Possui 3 espécies válidas que se diferenciam somente por detalhes de coloração (Cervigón, 1992), sendo duas encontradas no Atlântico Ocidental e uma no Atlântico Oriental (Fricke *et al*, 2021).

Echiophis intertinctus (Richardson, 1848) conhecido vulgarmente como “spotted spoon-nose eel” (figura 14), tem sua distribuição no Atlântico ocidental, do Golfo do México ao Caribe e no sudeste do Brasil (Figueiredo e Menezes, 2003). Corpo com manchas arredondadas grandes, dispostas longitudinalmente de maneira irregular; tamanho máximo de 180 cm, sendo comumente encontrados com aproximadamente 150 cm (Cervigón, 1992); a cauda possui uma ponta afiada e dura, capaz de criar uma toca na areia ou lama (Missimer e Hegy, 2018);



Figura 14. *Echiophis intertinctus*. Fonte: Flescher, D. Retirado de (<http://www.fishbase.org>)

Gênero *Ophichthus* Ahl 1789

Aproximadamente 80 espécies válidas, tropicais e subtropicais, amplamente distribuídas (McCosker *et al*, 2012).

Ophichthus ophis (Linnaeus 1758)

Conhecido popularmente como “muçum pintado” ou “spotted snake eel” (Froese e Pauly, 2020) (figura 15), possui corpo arredondado em seção transversal, dentes bisseriados nas mandíbulas e unisseriados no céu da boca, exceto para um ou dois pares

anteriormente; ponta da cauda rígida e sem barbatanas; barbatanas peitorais bem desenvolvidas, mais longas do que a boca do focinho; grandes manchas pretas sobre fundo claro, sendo menores na cabeça e posteriormente; nadadeiras dorsal e anal pálidas com pequenas marcas escuras na metade distal, nadadeirasas peitorais escuras. As espécimes do Atlântico Oriental não mostram a faixa nugal escura, que é característica das espécimes do Atlântico Ocidental (Fischer *et al*, 1981). Ocorre no Atlântico Ocidental; Atlântico leste: incluindo São Tomé e Príncipe e mar Mediterrâneo (Fricke e Eschemeyer, 2021).



Figura 15. *Ophichthus ophis*. Fonte: Rotundo M. M. Retirado de (<http://www.fishbase.org>)

Ophichthus cylindroideus (Ranzani 1839)

Conhecida popularmente como “cobra do mar” ou “dusky snake eel”, *O. cylindroideus* (figura 16) ocorre no Atlântico Ocidental, em profundidades de até 46 m (McCoske, 2002). Apresenta corpo robusto, cilíndrico e alongados; coloração escura,

com tons acinzentados e castanhos na região dorsal, enquanto ventralmente apresentam tons pálidos e esbranquiçados, nadadeiras dorsal e anal com as bordas pretas e pronunciada na parte de trás do corpo e na superfície interna das nadadeiras peitorais apresenta tonalidades escuras; cauda avermelhada (García *et al*, 2008). Habita fundos macios, arenosos e lamacentos da plataforma continental (Cervigón, 1992), de profundidades muito rasas até cerca de 1460 m. Predadores, possuem grande vitalidade, permanecendo vivos fora da água por muito tempo (Cervigón, 1980).



Figura 16. *Ophichthus cylindroideus*. Fonte: Carvalho-Filho, A. Retirado de (<http://www.fishbase.org>)

1.3.5 Ordem Acanthuriformes

Acanthuriformes é uma ordem de peixes ósseos. Abriga aproximadamente 500 espécies, em 64 gêneros e 13 famílias (Fricke *et al*, 2021). Este clado foi recuperado por

Betancur-R. *et al.* (2013) e por Near *et al.* (2012) em seus estudos moleculares em larga escala, com relações internas substancialmente semelhantes.

Família Sciaenidae Cuvier, 1829

A família Sciaenidae compreende 289 espécies em 69 gêneros (Parenti, 2020). No Atlântico Sul podemos encontrar cerca de 21 gêneros e 57 espécies, sendo que mais de 30 são encontradas ao longo da costa brasileira (Santos *et al.*, 2003).

As espécies da família Sciaenidae são comumente conhecidas como pescadas ou corvinas. São peixes de pequeno a grande porte, que ocorrem em áreas costeiras, estuarinas e dulcícolas de regiões tropicais e temperadas do mundo (Chao, 2003). Os Sciaenidae apresentam como características gerais o corpo coberto por escamas ctenóides (ásperas ao tato) e/ou ciclóides (lisas ao tato), primeira nadadeira dorsal com espinhos e a segunda com espinhos seguidos de raios, a linha lateral estendendo-se até o fim da nadadeira caudal (Menezes e Figueiredo, 1980).

Os Sciaenidae são caracterizados por emitir sons diferentes graças aos músculos que atuam na bexiga de gás, por isso também são chamados de tambores (Bannikov *et al.*, 2009; Santos *et al.*, 2013)

Gênero *Pareques* Gill 1876

Possui sete espécies válidas, sendo quatro espécies distribuídas no Pacífico oriental e três espécies no Atlântico ocidental.

Pareques acuminatus (Bloch e Schneider, 1801): conhecidos popularmente como “maria-nagô” e “equetus” (figura 17), possui corpo alongado, com listras, comprimento médio de 18 cm, podendo chegar até 23 cm (Robins e Ray, 1986). Esta espécie tende a mudar de cor e forma à medida que envelhece. Os indivíduos jovens possuem listras escuras sobre uma cor de fundo claro, com as nadadeiras caudal e dorsal alongadas. A cor do fundo escurece com a idade e o número de listras aumenta, bem como as nadadeiras

caudal e dorsal anterior tornam-se muito reduzidas (Springer, Woodburn, 1960). Sua alimentação consiste principalmente de pequenos crustáceos e suas larvas.

De ambientes tropicais, essa espécie pode ser encontrada desde o sul dos Estados Unidos, Golfo do México, Caribe. No Brasil, está presente por toda a costa até Santa Catarina. Habita ambientes costeiros e recifes de corais de ilhas e plataformas continentais (Bohlke, Chaplin, 1968; Randall, 1968).



Figura 17. *Pareques acuminatus*. Fonte: Charpin, F. Retirado de Reefguide (<https://reefguide.org/pixhtml/highhat12.html>)

Gênero *Umbrina* Cuvier, 1816

O gênero *Umbrina* ocorre em águas litorâneas de fundos lodosos e arenosos e inclui 17 espécies válidas distribuídas no Pacífico Oriental, Índico Ocidental e Atlântico Ocidental (Fricke *et al.*, 2021).

Umbrina canosai Berg, 1895: conhecidos popularmente como “castanhas” no Brasil e “pargo blanco” na Argentina e Uruguai (figura 18), é uma das espécies demersais

mais abundantes e intensamente exploradas da plataforma continental do sul do Brasil (Haimovici *et al*, 2006). Sua distribuição vai do Cabo São Tomé, no Brasil (Figueiredo e Menezes, 1980) até o norte do Golfo San Matías, na Argentina (Cousseau e Perrotta, 2013). É geralmente encontrado em profundidades entre 80 e 130 m, porém, em águas onde a corrente brasileira tem maior influência, esta espécie pode ser encontrada em águas visivelmente mais profundas, atingindo 210 m de profundidade (Nion *et al.*, 2013). Sua alimentação consiste principalmente de pequenos invertebrados bentônicos. O tamanho médio é de 30 cm para fêmeas e 27 cm para machos (Zaneti-Prado, 1979).



Figura 18. *Umbrina canosai*. Fonte: Fischer, L.G. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

1.3.6 Ordem Pleuronectiformes

Conhecidos como “flatfishes”, a ordem Pleuronectiformes possui cerca de 772 espécies existentes, em aproximadamente 129 gêneros e 14 famílias, que possuem como principal característica a assimetria craniana, com a migração de um dos olhos para o outro lado do crânio. (Nelson, 2016). Nas águas brasileiras, 56 marinhas espécies foram registradas e estão distribuídas em 20 gêneros e 5 famílias (Menezes *et al.* 2003).

Família Cyclopsettidae Campbell, Chanet, Jhen-Nien, Mao-Ying & Wei-Jen, 2019

A família Cyclopsettidae possui 45 espécies alocadas em 4 gêneros (Fricke *et al.*, 2021). Sua distribuição ocorre do Atlântico Oriental (do Senegal para Angola) e Ocidental (dos EUA para o Brasil), Pacífico Oriental (Baixa Califórnia ao Peru), em águas salobras, águas costeiras marinhas e águas profundas (2000 m) (Campbell *et al.*, 2019).

Possuem os olhos do lado esquerdo do corpo, papila urinária localizada próxima ao lado cego; nadadeira pélvica do lado cego é mais anterior que a do lado ocular; nadadeira caudal com 17 raios, todos os raios suportados por hipurais; apófises vertebrais presentes (Campbell *et al.*, 2019).

Gênero *Etropus* Jordan & Gilbert 1882

Possui 9 espécies válidas (Fricke *et al.*, 2021), com ampla distribuição.

Etropus crossotus Jordan & Gilbert, 1882

Conhecido popularmente como “línguado”, *Etropus crossotus* (figura 19) pode ser encontrado no Atlântico Ocidental (costa leste da América do Norte a costa sul do Brasil) e no Pacífico Oriental; são demersais, vivem em fundos de areia, lodo ou cascalho de mangues, estuários e baías, até cerca de 110m de profundidade (Marceniuk *et al.*, 2020).

Sua alimentação consiste principalmente de invertebrados bentônicos (Bornatowski *et al.*, 2004). Possui corpo ovalado; cabeça, olhos e boca pequenos; podem chegar até 17 cm (Marceniuk *et al.*, 2020).



Figura 19. *Etropus crossotus*. Fonte: Martins, I. A. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

1.3.7 Ordem Beloniformes

A ordem Beloniformes é composta por 6 famílias, 36 gêneros e 325 espécies (Fricke *et al.*, 2021). Algumas espécies são restritas a ambientes de água doce e outras habitam estuários e regiões marinhas. Possuem grande representatividade na zona epipelágica em regiões tropicais e subtropicais. As características comuns da ordem são: localização das nadadeiras dorsal e anal na parte posterior do corpo, nadadeira pélvica abdominal com seis raios e ausência de espinhos nas nadadeiras (Bonecker, *et al.*, 2014).

Família Belonidae Bonaparte, 1835

Composta por 48 espécies e subespécies distribuídas em 10 gêneros (Fricke *et al.*, 2021). Comumente chamados de “peixe-agulha”. Apresentam o corpo alongado, nadadeiras dorsal e anal posicionadas posteriormente, nadadeira pélvica com seis raios e as maxilas finas e compridas, com grandes dentes cônicos (Sant’Anna, 2011).

Os belonídeos são os únicos peixes pelágicos que apresentam natação anguiliforme, e, por isso, apresentam um conjunto diferente de características morfológicas quando comparado com peixes demersais que apresentam o mesmo estilo de natação (Liao, 2002).

Gênero *Ablennes* Jordan & Fordice, 1887

Possui apenas uma espécie válida: *Ablennes hians*, que ocorre no Atlântico Ocidental.

Ablennes hians (Valenciennes, 1846)

Popularmente conhecidos como “carapiá”, *A. hians* (figura 20) possui corpo alongado e muito comprimido; cabeça comprida; focinho muito longo; olho pequeno; boca terminal, maxilas muito longas e pontudas, com dentes moderadamente grandes, separados, pontudos e afiados (Marceniuk *et al.*, 2020). Sua coloração é verde azulada dorsalmente, branco prateado ventralmente, com uma ampla faixa azul escura ao longo dos lados e cerca de 12 a 14 barras verticais escuras proeminentes no corpo; ponta de baixo mandíbula vermelha; podem chegar a 80 cm (Collette, 2019).

De hábito pelágico, vive em mar aberto e ao redor de ilhas. Carnívoro, alimenta-se principalmente de pequenos peixes (Marceniuk *et al.*, 2020).



Figura 20. *Ablennes hians*. Fonte: Freitas, R. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

Família Exocoetidae Risso, 1827

Composta por 7 gêneros e 74 espécies (Fricke *et al.*, 2021), os chamados “peixes-voadores” são encontrados em regiões tropicais e subtropicais dos oceanos Pacífico, Atlântico e Índico (Lewallen *et al.*, 2011).

São epipelágicos oceânicos e costeiros e possuem como principal característica as nadadeiras peitorais excepcionalmente grandes, lembrando asas, inseridas na porção superior do corpo (Marceniuk *et al.*, 2020). É um dos únicos grupos de peixes que planam ativamente no ar com a ajuda de suas fortes nadadeiras caudal, peitoral e pélvica (Nelson, 2006).

Gênero *Cheilopogon* Lowe, 1841

O mais diverso gênero da família Exocoetidae (Lewallen *et al.*, 2010), composto por cerca de 30 espécies, amplamente distribuídas em águas tropicais e subtropicais (Fricke *et al.*, 2021).

Cheilopogon melanurus (Valenciennes, 1847)

Conhecido como “peixe voador do Atlântico” (figura 21) devido a sua distribuição, que no Atlântico Ocidental ocorre da costa Leste da América do Norte à costa Sudeste do Brasil (Marceniuk *et al.*, 2020).

Possui corpo alongado e subcilíndrico; cabeça moderada; focinho curto e ligeiramente pontudo, menor do que o olho; boca pequena e ligeiramente oblíqua; nadadeira pélvica longa, geralmente ultrapassando o meio da base da nadadeira anal; nadadeira caudal bifurcada, o lobo inferior nitidamente maior; jovens com nadadeira dorsal alta e um par de barbilhões curtos na ponta do queixo, menores que 50% do comprimento padrão em indivíduos entre 2 e 8 cm, que encurtam e desaparecem com o crescimento (Marceniuk *et al.*, 2020). Tamanho máximo de 27 cm (Carpenter, 2002).



Figura 21. *Cheilopogon melanurus*. Fonte: Vaske Jr, T. Retirado de Fishbase (<http://www.fishbase.org>)

2.0 Justificativa

A identificação específica confiável de muitos grupos marinhos é quase impossível, simplesmente porque não há taxonomistas capacitados, face às dimensões desta tarefa global (Scheltema, 1996; Gibbs *et al*, 1999). Os taxonomistas muitas vezes enfrentam dificuldades para identificar uma espécie com base apenas na morfologia, uma condição atribuída a falta de material adequado para análises, sendo necessária a utilização de novas ferramentas para a delimitação e identificação de espécies eficientemente (Cerqueira, 2018), como por exemplo análises de DNA Barcoding.

Desta forma, uma ação que pode trazer um aumento significativo no conhecimento da ictiofauna marinha, é a criação de bancos de DNA associados às coleções científicas, que poderão ser utilizados no esclarecimento de diversas questões,

como a identificação de espécies e populações isoladas, ou desconhecidas (Nash *et al.* 1998, Walpole *et al.* 2001).

3.0 Objetivos

O presente trabalho tem por objetivo diminuir a lacuna de conhecimento de espécies de peixes marinhos pouco conhecidos, ou raros em coleções zoológicas, encontrados no litoral brasileiro, contribuindo com a formação de catálogo de espécies marinhas, com sequencias de *DNA Barcoding*, que servirá de base para futuros trabalhos abordando a taxonomia alfa, filogenia e biogeografia de peixes marinhos do Brasil.

3.1 Objetivos específicos:

- Sequenciar parte do gene mitocondrial citocromo c oxidase subunidade I (COI) de peixes marinhos do litoral brasileiro, e revelar possíveis espécies novas, sinônimas e/ou crípticas.
- Identificar molecularmente espécies de peixes marinhos pouco conhecidas, e/ou raras em coleções zoológicas do Brasil, através da técnica “*DNA Barcoding*”.
- Avaliar a identidade taxonômica das espécies estudadas, produzindo um catálogo molecular da diversidade de peixes marinhos do Brasil.
- Disponibilizar as informações obtidas na internet na forma de um catálogo molecular das espécies estudadas.

4.0 Materiais e Métodos

4.1 Obtenção das amostras

Foram analisadas 21 espécies de peixes marinhos previamente coletadas em diferentes pontos ao longo da costa brasileira, que estão disponíveis no acervo do Laboratório de Biologia e Genética de Peixes (LBP), credenciado no Ministério do Meio Ambiente como Fiel Depositária de Amostras do Patrimônio Genético. Os animais foram coletados através de estratégias como rede de espera, cerco flutuante, arrasto de portas, etc. Essas espécies foram escolhidas por representarem espécies raras ou pouco comuns em coleções zoológicas, apresentando ou não dúvidas na identificação taxonômica das mesmas.

4.2 Extração e sequenciamento do DNA

O DNA total foi extraído de tecidos preservados em etanol, de acordo com o protocolo de Ivanova *et al.* (2006). As sequências parciais com aproximadamente 650 pares de base (pb) da extremidade 5' do gene mitocondrial Citocromo oxidase subunidade I (COI), foram obtidas por reação em cadeia da polimerase (PCR), feitas com o Kit OneTaq™ Hot Start (BioLabs) utilizando os seguintes volumes e concentrações: 8,05 µL de água pura, 1,25 µL de tampão Standart da Taq, 0,50 µL (50 mM) de cloreto de magnésio MgCl₂, 0,25 µL (10 mM) de primer foward, 0,25 µL (10 mM) de primer reverse, 0,50 µL (2 mM) de dNTPs, 0,20 µL de OneTaq e 2 µL de DNA total na concentração de 10 ng/mL. A amplificação e sequenciamento dos segmentos do COI foram realizadas utilizando os primers FishF1, FishR1, FishF2, FishR2 descritos por Ward *et al.* (2005):

Fish F1 5' – TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC – 3'

Fish R1 5'- TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA – 3'

FishF2 5'- TCG ACT AAT CAT AAA GAT ATC GGC AC – 3'

FishR2 5'- ACT TCA GGG TGA CCG AAG AAT CAG AA –3'

As reações de PCR consistiram em 1 ciclo de 94°C por 4 minutos, seguido de 35 ciclos de 94°C por 4 minutos, 54°C por 45 segundos, 68°C por 1 minuto, e por fim 1 ciclo de 68°C por 10 minutos. Todos os produtos de PCR foram primeiramente visualizados em gel de agarose 1% e depois purificados utilizando o kit ExoSap-IT® (USB Corporation), de acordo com as instruções dos fabricantes. Os produtos de PCR purificados foram então submetidos a uma reação de PCR de sequenciamento utilizando o Kit “Big Dye™ Terminator v 3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction” (Applied Biosystems). O produto da PCR de sequenciamento foi purificado novamente por precipitação em EDTA/Acetato de sódio/etanol e analisados em um sequenciador de DNA automático, modelo ABI 3130-Genetic Analyzer (Applied Biosystems) disponível no laboratório.

4.3 Análise de dados

As sequências foram editadas e checadas quanto a existência de inserções, deleções ou *stop-codons* nos fragmentos codificantes, afim de evitar a contaminação da matriz por pseudogenes, com o auxílio do software Geneious 4.8.5 (Kearse *et al.*, 2012). Todas as sequências foram alinhadas usando o programa Muscle (Edgar, 2004) acoplado ao Geneious sob parâmetros padrão.

Para a estruturação dos dendrogramas, as sequências foram analisadas no software MEGA v.10.0.5 (Tamura *et al.*, 2013). Os resultados foram representados em dendrogramas de Neighbour-Joining (NJ) (Saitou & Nei, 1987), os modelos utilizados para construção dos dendrogramas foram o modelo Kimura-2-parâmetros (K2P) (Kimura, 1980), o modelo Tamura-Nei (TN93) (Tamura & Nei, 1993) e o modelo Tamura 1992 (T92) (Tamura, 1992) de acordo com o melhor modelo indicado pelo MEGA. A

confiabilidade dos ramos foi verificada pelo método bootstrap (Felsenstein, 1985) com 1.000 pseudoréplicas

Foram extraídas sequências do BOLD e inseridas aos alinhamentos a fim de obter mais robustez em nossas análises. Essas sequências são dos mesmos gêneros das espécies selecionadas no nosso estudo, porém, em diferentes localidades ao redor do mundo.

Além da construção dos dendogramas, a análise Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD) (Puillandre *et al.*, 2012) foi realizada no servidor web da ABGD (bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html) com distância Kimura (K2P; 2.0) modelo e outros parâmetros padrão ($P_{min} = 0,001$; $P_{max} = 0,1$). Os gráficos das análises ABGD estão no Apêndice 2.

5.0 Resultados

No total, 57 sequências divididas em 21 espécies, 18 gêneros, 13 famílias e 7 ordens foram analisadas (Apêndice 1). As análises não apresentaram inserções, deleções ou *stop-codons*, sendo todas as regiões amplificadas sequências funcionais do gene mitocondrial COI. As sequências tiveram comprimentos médios de aproximadamente 600 pb. Os resultados obtidos serão descritos em cada família estudada. As sequências amostradas pelo presente trabalho estão destacadas nas árvores de Neighbour-Joining (NJ).

5.1 Família Echeneidae

Um total de 2 espécimes de Echeneidae (1 *Remora albens* e 1 *Remora osteochir*) foram amostradas nesse estudo, sendo ambas de São Paulo.

Adicionalmente, 33 sequências do gênero *Remora* foram extraídas do BOLD para compor nossas análises. No total, 35 sequências compuseram a construção do dendograma e análises dessa família.

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) da família Echeneidae (figura 22) seguiu o modelo Tamura-Nei (TN93) como indicado pela análise de melhor modelo de substituição nucleotídica. Observou-se a formação de 6 grupos, sendo *R. osteochir* agrupado juntamente com indivíduos de diferentes localidades pelo mundo, confirmando sua identificação, bem como *R. albescens* alocada com os indivíduos do Pacífico.

Os resultados da análise ABGD foram: partições 1 e 2 encontraram 10 grupos, com ($P = 0.001 - 0.002$); partição 3 encontrou 7 grupos, ($P = 0.002$); partições 4, 5, 6, 7, 8 e 9 encontraram 6 grupos ($P = 0.004 - 0.059$).

O valor de distância média geral foi de 0.14 ± 0.01 . Os valores de divergências genéticas entre as espécies e as distâncias genéticas entre os grupos estão representados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>R. remora</i> 2	0.0067
<i>R. albescens</i>	0.00579
<i>R. brachyptera</i>	0.00469
<i>R. remora</i>	0.00232
<i>R. australis</i>	0
<i>R. osteochir</i>	0.00373

Tabela 1: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Remora*.

Clusters

<i>R._remora_2</i>					
	0.022	0.022	0.021	0.024	0.020
<i>R._albescens</i>	0.190		0.022	0.019	0.021
<i>R._brachyptera</i>	0.197	0.185		0.020	0.023
<i>R._remora</i>	0.178	0.170	0.164		0.019
<i>R._australis</i>	0.199	0.163	0.192	0.152	
<i>R._osteochir</i>	0.175	0.175	0.177	0.148	0.140

Tabela 2: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Remora*.

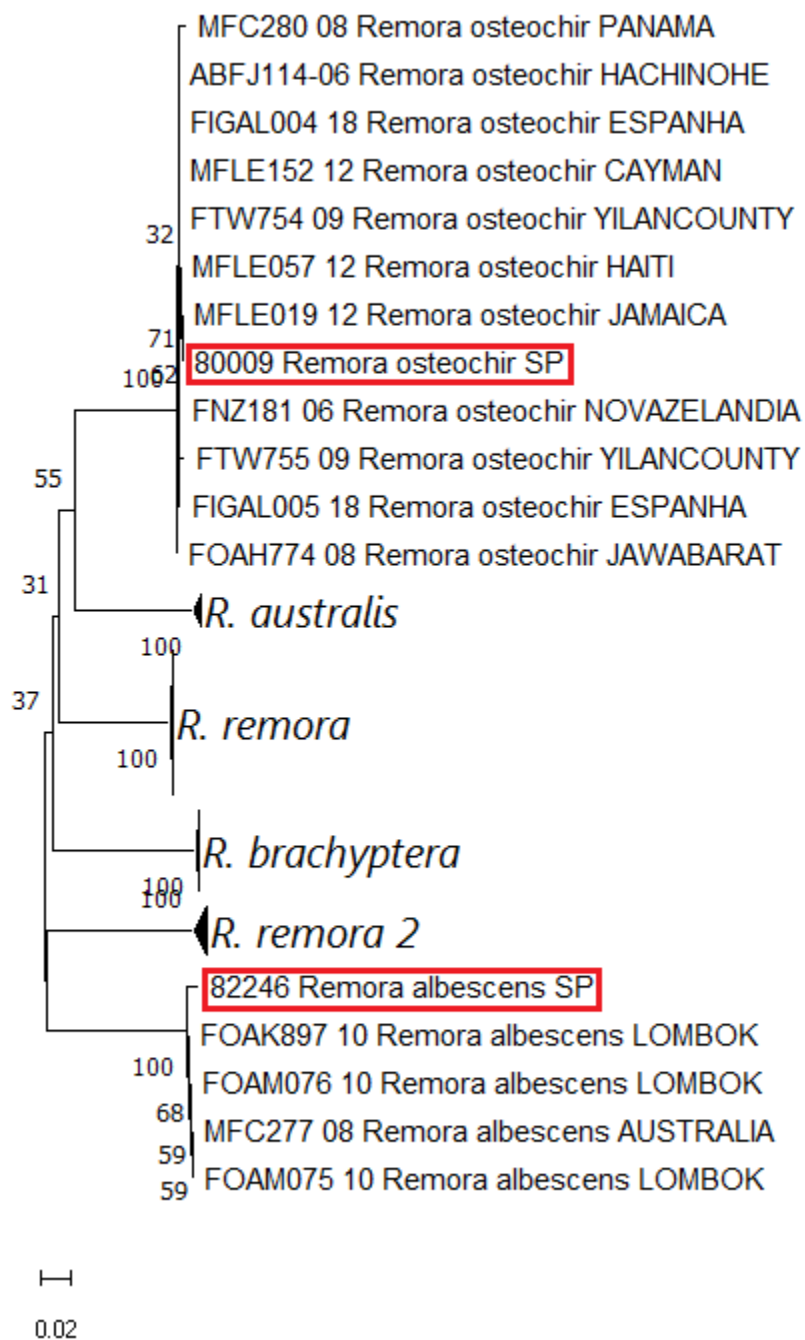


Figura 22: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Remora* construídas com as sequências de COI.

5.2 Família Rachycentridae

Um espécime de *Rachycentron* (*Rachycentron canadum*) foi amostrada durante esse trabalho, sendo coletada em São Paulo.

Adicionalmente, 45 sequências da espécie *R. canadum* de diferentes localidades foram extraídas do BOLD para compor nossas análises. No total, 46 sequências compuseram as análises e dendograma dessa família.

Os resultados da análise ABGD foram: partição 1 encontrou 12 grupos ($P=0.001$); partição 2 encontrou 1 grupo ($P=0.002$).

O valor de distância média geral foi de 0.01 ± 0.00 . A árvore Neighbour-Joining (NJ) da família Rachycentridae (figura 23) alocou todos os indivíduos em um único grupo, com baixa divergência como mostrado na tabela abaixo:

Cluster	
<i>R. canadum</i>	0.003919

Tabela 3: Distância genética (TN93) dentro o grupo do gênero *Rachycentron*.



Figura 23: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) construídas com as sequências de COI.

5.3 Família Carangidae

No total, 18 espécimes de Carangidae (2 *Parona signata*, 4 *Trachurus lathami*, 5 *Uraspis secunda*, 5 *Trachinotus marginatus* e 2 *Trachinotus cayennensis*) foram amostradas durante esse trabalho, sendo os espécimes de *P. signata* de Santa Catarina, *T. lathami* de Rio Grande do Sul, *U. secunda* de São Paulo e *T. marginatus*, 2 de São Paulo e 3 de Santa Catarina e *T. cayennensis* de Pará.

Foram adicionadas ainda 359 sequências dos gêneros *Trachinotus*, *Parona*, *Trachurus* e *Uraspis* extraídas do BOLD para compor as análises. No total, 377 sequências compuseram as análises e o dendograma dessa família.

Na árvore Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Trachinotus* (figura 24) foram constatados 17 grupos. Uma das espécies de *T. cayennensis* foi agrupada juntamente com as espécies de *T. carolinus*, indicando um erro de identificação. As espécies de *T. marginatus* formaram um único grupo com baixíssima divergência genética (tabela 4). Os resultados das análises ABGD foram: partição 1 formou 40 grupos ($P = 0.001$); partições 2 e 3 encontraram 22 grupos ($P = 0.002 - 0.003$); partições 4 e 5 encontraram 17 grupos ($P = 0.005 - 0.008$); partições 6, 7 e 8 encontraram 15 grupos ($P = 0.013 - 0.036$). O valor de distância média geral foi de 0.1 ± 0.01 .

Nas análises do gênero *Parona*, os indivíduos apresentaram baixa diferença genética entre as espécies (tabela 6). As análises ABGD formou 1 partição que encontrou 1 grupo ($P = 0.001$). O valor de distância média geral foi de 0.06 ± 0.01 .

Na árvore de Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Trachurus* (figura 25), *T. lathami* se agrupou em dois ramos, um para a América do Norte mais relacionada a *T. delagoa* (bootstrap de 81%) e uma para América do Sul, com valor de bootstrap de 98%. Os

resultados da análise ABGD foram: partição 1 encontrou 61 grupos ($P= 0.001$); partições 1 – 10 encontraram 2 grupos ($P= 0.002 - 0.100$). O valor de distância média geral foi de 0.02 ± 0 .

Na árvore de Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Uraspis* (figura 26) sugerimos duas populações para *U. uraspis* com valores de *bootstraps* de 95% e 99%, respectivamente. *U. secunda* e *U. helvola* representam um mesmo cluster. As análises ABGD sugeriram: partições 1 e 2 encontraram 5 grupos ($P= 0.001 - 0.002$); partição 3 encontrou 4 grupos ($P= 0.003$); partições 4, 5 e 6 encontraram 3 grupos ($P= 0.005 - 0.013$). O valor de distância média geral foi de 0.03 ± 0.01 .

Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo, respectivamente.

Clusters	
<i>T. coppingeri</i>	0.0013
<i>T. baillonii</i>	0
<i>T. ovatus 2</i>	0.003
<i>T. botla</i>	0.0021
<i>T. goreensis</i>	0.0008
<i>T. stilbe</i>	0
<i>T. africanus</i>	0.0055
<i>T. blochii 2</i>	0.0008
<i>T. blochii 3</i>	0.0018
<i>T. carolinus</i>	0.0013
<i>T. cayennensis</i>	0.0016
<i>T. falcatus</i>	0.0004
<i>T. anak</i>	0.001
<i>T. ovatus</i>	0.0002
<i>T. blochii</i>	0.0036
<i>T. marginatus</i>	0
<i>T. goodei</i>	0.0009

Tabela 4: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Trachinotus*.

Clusters																	
<i>T. coppingeri</i>		0.00967	0.01332	0.01155	0.01870	0.01736	0.01553	0.01711	0.01730	0.01571	0.01548	0.01685	0.01684	0.01718	0.01666	0.01588	0.01616
<i>T. bailloni</i>	0.05888		0.01289	0.01244	0.01683	0.01746	0.01629	0.01792	0.01883	0.01672	0.01502	0.01689	0.01768	0.01777	0.01848	0.01829	0.01812
<i>T. ovatus_2</i>	0.08984	0.08978		0.01082	0.01456	0.01602	0.01639	0.01669	0.01675	0.01539	0.01498	0.01658	0.01698	0.01709	0.01637	0.01653	0.01604
<i>T. botla</i>	0.07860	0.08814	0.07046		0.01625	0.01607	0.01525	0.01550	0.01597	0.01535	0.01603	0.01568	0.01559	0.01562	0.01577	0.01450	0.01457
<i>T. goreensis</i>	0.16388	0.14773	0.12327	0.13606		0.01612	0.01553	0.01479	0.01556	0.01474	0.01539	0.01669	0.01579	0.01611	0.01569	0.01763	0.01762
<i>T. stilbe</i>	0.13954	0.14728	0.12765	0.13294	0.13949		0.01388	0.01581	0.01719	0.01478	0.01477	0.01329	0.01550	0.01562	0.01509	0.01259	0.01382
<i>T. africanus</i>	0.12227	0.12529	0.12961	0.11733	0.12651	0.10936		0.01068	0.01068	0.01309	0.01282	0.01217	0.01052	0.01130	0.01141	0.01137	0.01243
<i>T. blochii_2</i>	0.13470	0.14187	0.13564	0.12023	0.12594	0.12072	0.06528		0.00483	0.01360	0.01367	0.01312	0.01203	0.01244	0.01311	0.01329	0.01300
<i>T. blochii_3</i>	0.14276	0.15672	0.13887	0.12768	0.12747	0.13573	0.06399	0.01496		0.01349	0.01376	0.01385	0.01193	0.01262	0.01250	0.01369	0.01286
<i>T. carolinus</i>	0.12387	0.14324	0.12530	0.11905	0.11903	0.11334	0.09083	0.09401	0.09377		0.01004	0.01276	0.01202	0.01232	0.01192	0.01249	0.01188
<i>T. cayennensis</i>	0.12334	0.11898	0.11654	0.12750	0.11521	0.10932	0.08452	0.09795	0.09513	0.05834		0.01344	0.01073	0.01091	0.01351	0.01218	0.01290
<i>T. falcatius</i>	0.13885	0.13958	0.13159	0.11759	0.14766	0.10205	0.07714	0.08925	0.09395	0.08980	0.08830		0.01101	0.01137	0.01141	0.01318	0.01317
<i>T. anak</i>	0.14761	0.15009	0.14506	0.13490	0.13395	0.12506	0.07360	0.08284	0.08513	0.08031	0.07024	0.07295		0.00355	0.00739	0.01192	0.01183
<i>T. ovatus</i>	0.14725	0.14948	0.14620	0.13583	0.13709	0.12282	0.08026	0.08583	0.09081	0.08333	0.07276	0.07807	0.00898		0.00803	0.01274	0.01222
<i>T. blochii</i>	0.14019	0.15472	0.13878	0.13472	0.12934	0.11686	0.07310	0.09060	0.08769	0.08107	0.09055	0.07033	0.03889	0.04510		0.01181	0.01090
<i>T. marginatus</i>	0.13074	0.15313	0.13190	0.11322	0.15166	0.09588	0.08040	0.09568	0.09789	0.08048	0.07720	0.09003	0.07637	0.08497	0.07367		0.00838
<i>T. goodei</i>	0.13342	0.15251	0.13351	0.11970	0.14848	0.10381	0.08636	0.09543	0.09354	0.07956	0.08554	0.09055	0.07704	0.08174	0.06657	0.04255	

Tabela 5: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Trachinotus*.



Figura 24: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Trachinotus* construídas com as sequências de COI.

Cluster	
P. signata	0.0063

Tabela 6: Distância genética (K2) dentre o grupo do gênero *Parona*.

<i>P._signata</i>				
<i>P._signata2</i>	0.00726			
<i>P._signata4</i>	0.00362	0.00726		
<i>P._signata5</i>	0.00910	0.01278	0.00910	
<i>P._signata3</i>	0.00362	0.00726	0.00362	0.00910

Tabela 7: Distância genética (K2) entre os grupos do gênero *Parona*

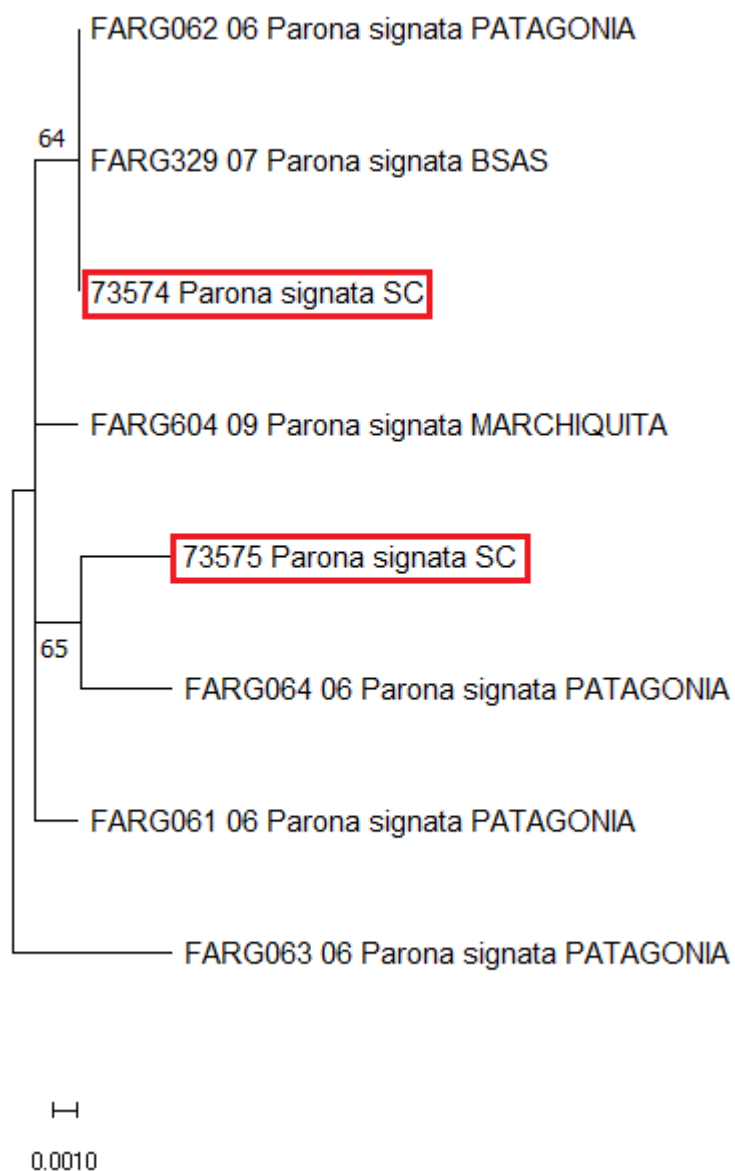


Figura 24: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Parona* construídas com as sequências de COI.

Clusters

<i>T. japonicus</i>	n/c
<i>T. lathami</i> 2	0.004
<i>T. indicus</i>	n/c
<i>T. lathami</i>	0.0029
<i>T. delagoa</i>	0.0015

<i>T. trachurus</i>	0.0031
<i>T. murphyi</i>	0.0004
<i>T. picturatus</i>	0.0038
<i>T. declives</i>	0.0031
<i>T. mediterraneus</i>	0.0025

Tabela 8: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Trachurus*.

Clusters

<i>T._japonicus</i>									
	0.02214	0.02650	0.02156	0.02150	0.02159	0.02072	0.02484	0.02082	0.02251
<i>T._lathamii_2</i>	0.24660								
		0.00936	0.00675	0.00711	0.00677	0.00708	0.00811	0.00620	0.00620
<i>T._indicus</i>	0.26526	0.04070							
			0.00629	0.00709	0.00722	0.00769	0.00815	0.00601	0.00662
<i>T._lathamii</i>	0.24442	0.03028	0.02212						
				0.00281	0.00468	0.00642	0.00697	0.00467	0.00458
<i>T._delagoa</i>	0.24243	0.03189	0.02497	0.00726					
					0.00527	0.00681	0.00826	0.00509	0.00513
<i>T._trachurus</i>	0.24334	0.03089	0.02730	0.01658	0.01928				
						0.00529	0.00653	0.00472	0.00478
<i>T._murphyi</i>	0.23394	0.03250	0.02955	0.02710	0.02897	0.02032			
							0.00353	0.00454	0.00523
<i>T._picturatus</i>	0.25703	0.03717	0.02898	0.02612	0.03315	0.02434	0.00877		
								0.00535	0.00590
<i>T._declives</i>	0.23544	0.02575	0.01924	0.01614	0.01800	0.01698	0.01603	0.01834	
									0.00334
<i>T._mediterraneus</i>	0.25547	0.02572	0.02247	0.01536	0.01748	0.01522	0.02058	0.02038	0.01086

Tabela 9: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Trachurus*.

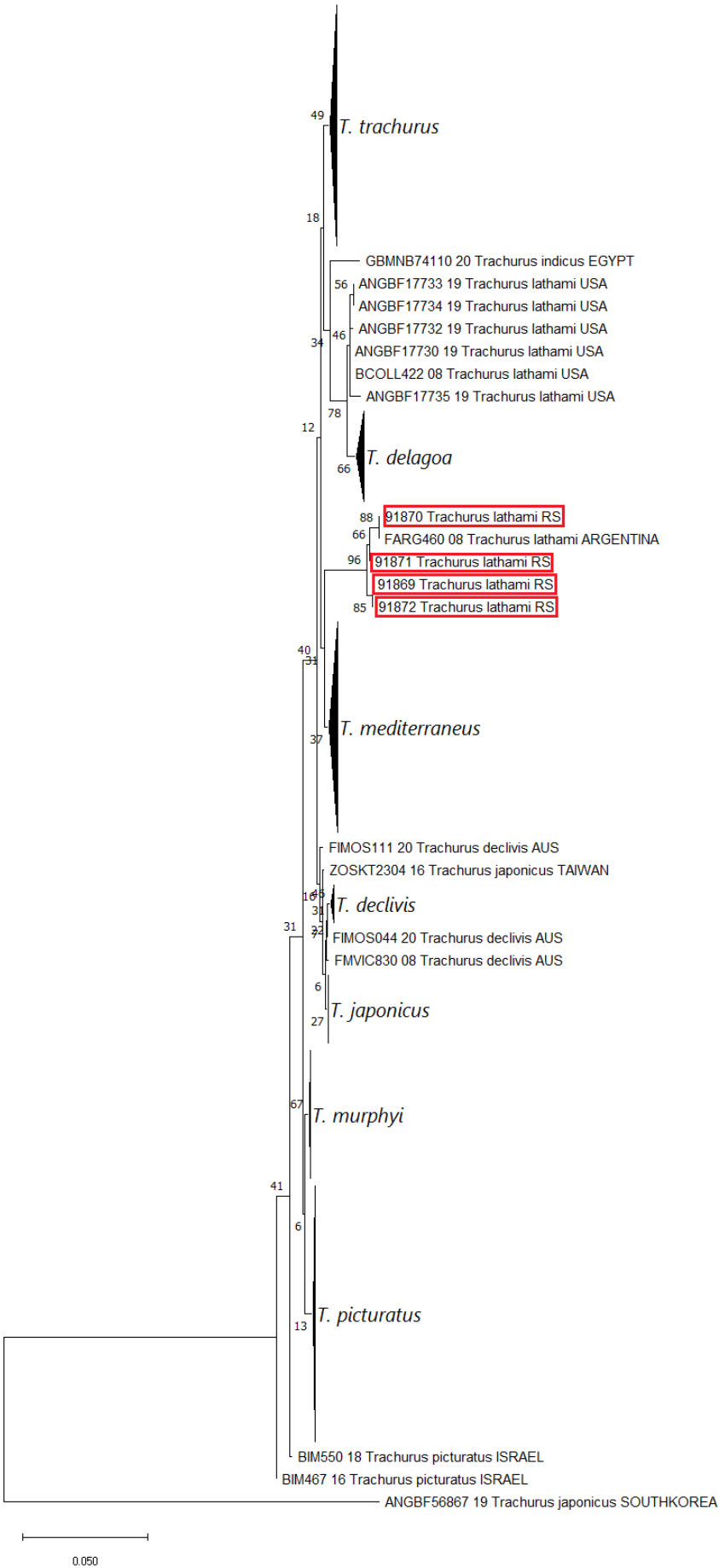


Figura 25: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Trachurus* construídas com as sequências de COI.

Clusters	
<i>U. secunda</i> 2	0
<i>U. secunda</i>	0
<i>U. uraspis</i> 2	0
<i>U. uraspis</i>	0.0004

Tabela 10: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Uraspis*.

Clusters			
<i>U._secunda_2</i>		0.00264	0.01138 0.01074
<i>U._secunda</i>	0.00381		0.01082 0.01022
<i>U._uraspis_2</i>	0.05601	0.05185	0.00527
<i>U._uraspis</i>	0.05571	0.05155	0.01526

Tabela 11: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Uraspis*.

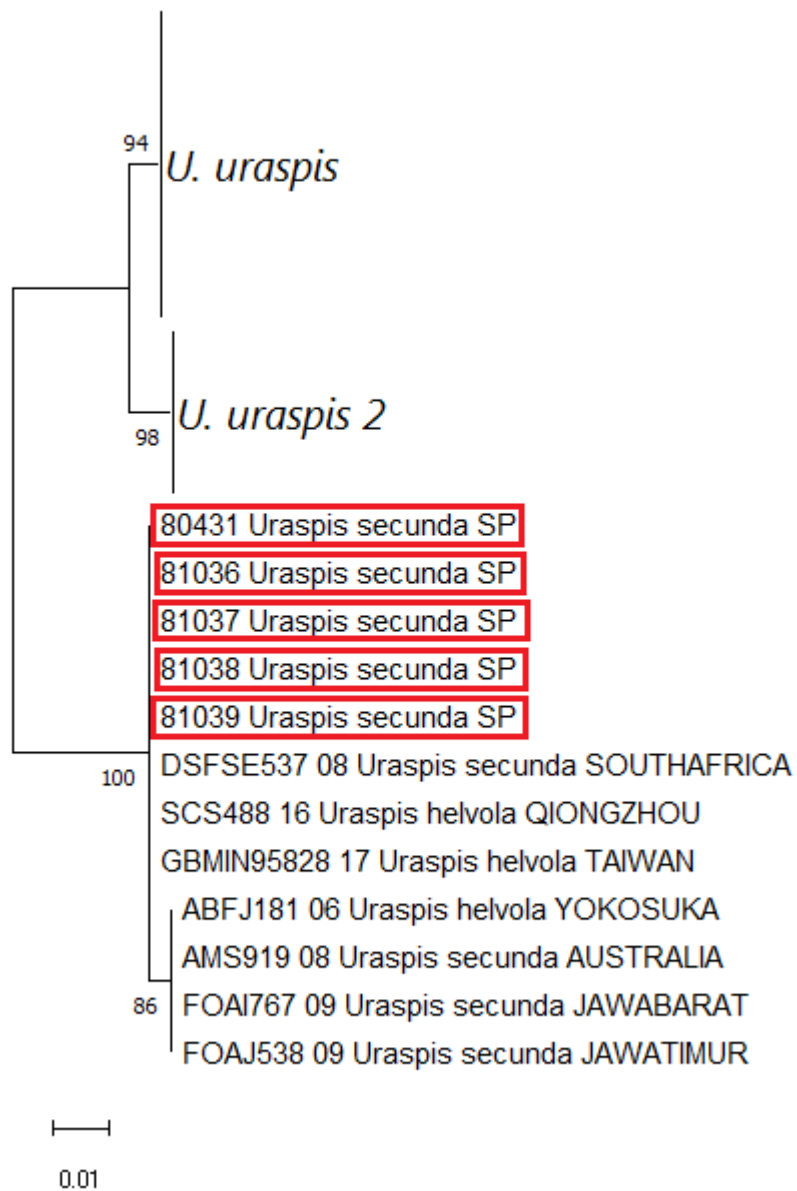


Figura 26: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Uraspis* construídas com as sequências de COI.

5.4 Família Haemulidae

No total, 2 espécimes de Haemulidae (*Pomadasys curvinaeforme* e *Pomadasys ramosus*) foram amostradas durante nossos estudos, sendo *P. curvinaeforme* do Rio de Janeiro e *P. ramosus* de São Paulo.

Foram adicionadas 177 sequências extraídas do BOLD para compor nossa análise. No total, 179 sequências compuseram o dendograma e as análises dessa família

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) da família Haemulidae (figura 27) formou 24 grupos, apresentando agrupamentos genéticos entre *P. argenteus* e *P. kaakan*, com valor de *bootstrap* de 100%. Pode-se observar ainda diferentes possíveis linhagens de *P. furcatus* e *P. maculatus*. *P. ramosus* como grupo irmão de *P. branickii* com valor de *bootstrap* de 83%, assim como *P. curvinaeforme* como grupo irmão de *P. incisus* e *P. olivaceus* com valor de *bootstrap* de 34%.

Os resultados das análises ABGD foram: partições 1 e 2 encontraram 69 grupos ($P= 0.001 - 0.002$); partição 3 encontrou 27 grupos ($P= 0.003$); partição 4 encontrou 23 grupos ($P= 0.005$); partições 5 e 6 encontraram 21 grupos ($P= 0.008 - 0.013$); partição 7 encontrou 20 grupos ($P= 0.021$); partições 8, 9 e 10 encontraram 17 grupos ($P= 0.035 - 0.100$).

O valor de distância média geral foi de 0.17 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>P. curvinaeforme</i>	n/c
<i>P. ramosus</i>	n/c
<i>P. commersonii</i>	0.0008
<i>P. quadrilineatus</i>	0.001
<i>P. stridens</i>	0.0036
<i>P. stridens 2</i>	0.0017
<i>P. grunniens</i>	0.0007
<i>P. argyreus 2</i>	0.0031
<i>P. argyreus</i>	n/c
<i>P. incisus</i>	0.0034

Tabela 12: Distância genética (K2) dentre os grupos do gênero *Pomadasy*.

Tabela 13: Distância genética (K2) entre os grupos do gênero *Pomadasya*.

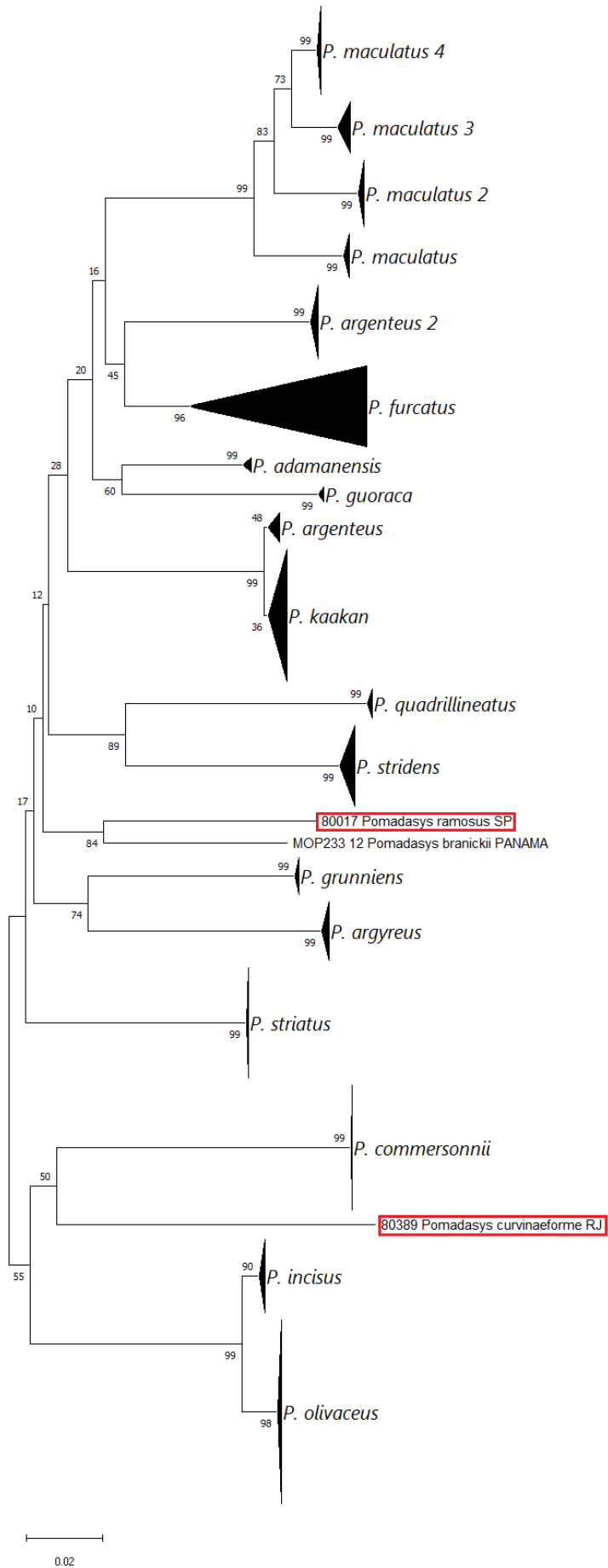


Figura 27: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Pomadasys* construídas com as sequências de COI.

5.5 Família Scombridae

Um exemplar de Scombridae (*Sarda sarda*) foi amostrado durante nosso estudo, sendo esse espécime um exemplar coletado em São Paulo.

Adicionalmente, 65 sequências de espécies do gênero *Sarda* foram extraídas do BOLD para compor nossa análise. No total, 66 espécimes compuseram as análises e o dendograma dessa família.

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) da família Scombridae (figura 28) formou 8 agrupamentos, sendo *S. orientalis* representada por 3 linhagens, assim como se observa em *S. sarda*, com os indivíduos da América do Sul se agrupado à indivíduos da Europa com valor de *bootstrap* de 99%, outra linhagem com possível sinonímia entre *S. sarda* e *S. orientalis* e uma linhagem de *S. sarda* da Ásia, com valor de *bootstrap* de 91%.

Os resultados da análise ABGD foram: partição 1 encontrou 18 grupos ($P = 0.001$); partições 2 e 3 encontraram 11 grupos ($P = 0.002 - 0.003$); partição 4 encontrou 8 grupos ($P = 0.005$); partições 5 e 6 encontraram 7 grupos ($P = 0.008 - 0.013$); partições 7 e 8 encontraram 2 grupos ($P = 0.021 - 0.036$).

O valor de distância média geral foi de 0.05 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>S. orientalis</i> 2	0
<i>S. orientalis</i> 3	0.0046
<i>S. orientalis</i>	0.0017
<i>S. australis</i>	0
<i>S. chiliensis</i>	0.0005
<i>S. sarda</i> 2	0.001
<i>S. sarda</i> 3	0.001
<i>S. sarda</i>	0.0024

Tabela 14: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Sarda*.

Clusters								
<i>S._orientalis_2</i>		0.00655	0.01387	0.01323	0.01310	0.01276	0.01382	0.01360
<i>S._orientalis_3</i>	0.02831		0.01458	0.01430	0.01334	0.01307	0.01409	0.01385
<i>S._orientalis</i>	0.11815	0.13152		0.00889	0.00966	0.00982	0.00959	0.00958
<i>S._australis</i>	0.10701	0.12328	0.04633		0.00820	0.00863	0.00885	0.00812
<i>S._chiliensis</i>	0.10661	0.10686	0.05950	0.04120		0.00303	0.00541	0.00480
<i>S._sarda_2</i>	0.10633	0.10636	0.06195	0.04402	0.00720		0.00601	0.00485
<i>S._sarda_3</i>	0.11540	0.11710	0.05369	0.04301	0.02082	0.02449		0.00506
<i>S._sarda</i>	0.11321	0.11526	0.06108	0.04556	0.01843	0.01850	0.02068	

Tabela 15: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Sarda*.

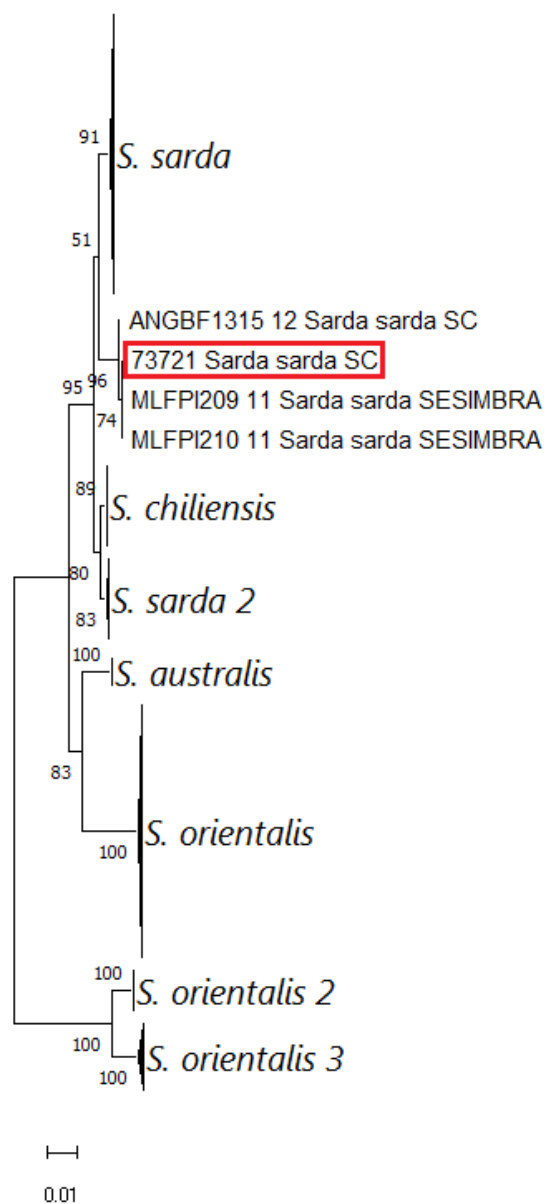


Figura 28: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Sarda* construídas com as sequências de COI.

5.6 Família Labridae

No total, 3 espécimes de Labridae (*Xyrichthys novacula*) foram amostradas durante esse trabalho, sendo ambas de São Paulo.

Foram adicionadas 108 sequências extraídas do BOLD pertencentes ao gênero *Xyrichthys*. No total, 111 sequências compuseram o dendograma e as análises dessa família.

A árvore de Neighbor-Joining (NJ) da família Labridae (figura 29) identificamos 8 grupos, observando-se diferentes linhagens de *X. novacula*, sendo agrupadas em populações da América do Sul, com valor de bootstrap de 99%; América do Norte em outra população com valor de *bootstrap* de 84%; indivíduos da Europa e Ásia em um terceiro grupo com valor de bootstrap de 99% e um quarto grupo de espécimes de Galápagos, com valor de bootstrap de 93%. Os indivíduos de Galápagos foram mais relacionados a *X. wellingtoni* do que com membros da mesma espécie.

Os resultados das análises ABGD foram: partições 1 e 2 encontraram 39 grupos ($P = 0.001$); partições 3 – 6 encontraram 10 grupos ($P = 0.003 - 0.013$); partições 7 – 9 encontraram 5 grupos ($P = 0.021 - 0.060$).

O valor de distância média geral foi de 0.11 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>X. splendens</i>	0.0016
<i>X. mundiceps</i>	0.0008
<i>X. novacula 2</i>	0.0098
<i>X. novacula 3</i>	0.0014
<i>X. novacula</i>	0.0021
<i>X. martinicensis</i>	0.0046
<i>X. novacula 4</i>	0.0006
<i>X. wellingtoni</i>	0.0018

Tabela 16: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Xyrichthys*.

Clusters

<i>X._splendens</i>		0.0185	0.0206	0.0202	0.0201	0.0186	0.0194	0.0196
<i>X._mundiceps</i>	0.1542		0.0186	0.0178	0.0177	0.0179	0.0184	0.0185
<i>X._novacula_2</i>	0.1800	0.1574		0.0072	0.0058	0.0144	0.0143	0.0133
<i>X._novacula_3</i>	0.1716	0.1460	0.0362		0.0056	0.0144	0.0131	0.0130

<i>X._novacula</i>	0.1717	0.1481	0.0253	0.0207		0.0141	0.0136	0.0136
<i>X._martinicensis</i>	0.1561	0.1447	0.1098	0.1081	0.1071		0.0118	0.0121
<i>X._novacula_4</i>	0.1598	0.1373	0.0965	0.0840	0.0885	0.0778		0.0060
<i>X._wellingtoni</i>	0.1661	0.1433	0.0945	0.0890	0.0952	0.0847	0.0228	

Tabela 17: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Xyrichthys*.

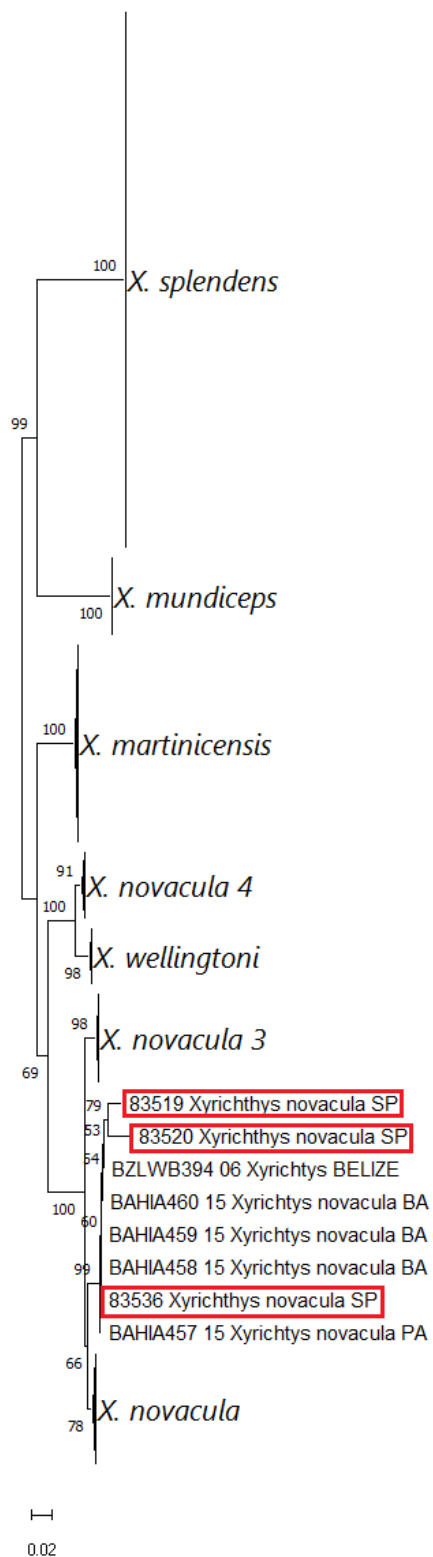


Figura 29: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Xyrichthys* construídas com as sequências de COI.

5.7 Família Congridae

No total, 4 espécimes de Congridae (*Conger orbignianus*) foram amostradas durante esse trabalho, sendo 2 de São Paulo e 2 de Rio Grande do Sul.

Adicionalmente, 139 sequências do gênero *Conger* foram extraídas do BOLD. No total, 143 sequências compuseram nossas análises e dendograma dessa família.

A árvore de Neighbor-Joining (NJ) da família Congridae (figura 30) observou-se 20 agrupamentos, sendo *C. orbignyanus* uma única linhagem da América do Sul, com valor de *bootstrap* de 99%, diferenciando-se das demais espécies do gênero. Identificamos também sinonímias entre indivíduos de *C. verreauxi* e *C. wilsoni* e entre *C. oceanicus* e *C. macrocephalus*. *C. myriaster* apresentou diversas populações distribuídas pela árvore. Nossos resultados representam os primeiros dados genéticos para a espécie em território brasileiro.

Os resultados das análises ABGD foram: partição 1 encontrou 40 grupos ($P=0.001$); partições 2 e 3 encontraram 28 grupos ($P=0.002 - 0.003$); partição 4 encontrou 22 grupos ($P=0.005$); partição 5 encontrou 20 grupos ($P=0.008$); partição 6 encontrou 19 grupos ($P=0.013$); partições 7 e 8 encontraram 18 grupos ($P=0.021 - 0.036$).

O valor de distância média geral foi de 0.15 ± 0.02 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>C. conger</i> 2	n/c
<i>C. myriaster</i> 4	n/c
<i>C. myriaster</i> 5	0.0049
<i>C. myriaster</i> 3	n/c
<i>C. sp</i> 5	0
<i>C. sp</i> 3	0.0025
<i>C. wilsoni</i>	0.0016
<i>C. sp</i> 2	n/c
<i>C. myriaster</i> 2	0.0015
<i>C. triporiceps</i>	0

<i>C. cinereus</i>	0.0049
<i>C. cinereus 2</i>	n/c
<i>C. sp 4</i>	n/c
<i>C. orbignyanus</i>	0.0042
<i>C. oceanicus</i>	0.0043
<i>C. conger</i>	0.0012
<i>C. myriaster</i>	0.0019
<i>C. sp</i>	n/c
<i>C. verreauxi</i>	0.0015
<i>C. verreauxi 2</i>	0
<i>C. macrocephalus</i>	0.0069

Tabela 18: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Conger*.

Clusters																					
C. conger_2		0.0405	0.0394	0.0336	0.0409	0.0377	0.0370	0.0385	0.0368	0.0376	0.0369	0.0377	0.0376	0.0395	0.0387	0.0370	0.0378	0.0374	0.0351	0.0358	0.0351
C. myriaster_4	0.2968		0.0196	0.0330	0.0314	0.0313	0.0310	0.0303	0.0308	0.0300	0.0303	0.0302	0.0335	0.0275	0.0293	0.0293	0.0273	0.0310	0.0319	0.0290	0.0285
C. myriaster_5	0.3012	0.1248		0.0332	0.0314	0.0312	0.0307	0.0297	0.0318	0.0270	0.0304	0.0293	0.0299	0.0281	0.0299	0.0283	0.0257	0.0277	0.0268	0.0266	0.0269
C. myriaster_3	0.2360	0.2579	0.2555		0.0296	0.0316	0.0307	0.0331	0.0312	0.0288	0.0293	0.0296	0.0326	0.0281	0.0297	0.0264	0.0259	0.0302	0.0283	0.0286	0.0272
C. sp_5	0.2905	0.2308	0.2327	0.2120		0.0323	0.0307	0.0317	0.0332	0.0296	0.0311	0.0324	0.0266	0.0305	0.0287	0.0286	0.0277	0.0272	0.0260	0.0266	0.0267
C. sp_3	0.2932	0.2466	0.2516	0.2442	0.2459		0.0178	0.0159	0.0163	0.0252	0.0254	0.0235	0.0304	0.0240	0.0253	0.0251	0.0268	0.0271	0.0272	0.0261	0.0263
C. wilsoni	0.2854	0.2494	0.2431	0.2363	0.2312	0.1160		0.0139	0.0151	0.0275	0.0272	0.0268	0.0331	0.0297	0.0310	0.0268	0.0274	0.0290	0.0294	0.0294	0.0288
C. sp_2	0.3023	0.2422	0.2408	0.2515	0.2366	0.0985	0.0867		0.0135	0.0251	0.0260	0.0263	0.0269	0.0240	0.0269	0.0256	0.0266	0.0266	0.0265	0.0259	0.0256
C. myriaster_2	0.2895	0.2476	0.2517	0.2393	0.2454	0.1010	0.0913	0.0799		0.0272	0.0267	0.0249	0.0266	0.0284	0.0271	0.0291	0.0289	0.0293	0.0298	0.0281	0.0279
C. triporiceps	0.2967	0.2399	0.2194	0.2323	0.2338	0.1976	0.2153	0.1981	0.2161		0.0231	0.0242	0.0302	0.0204	0.0221	0.0214	0.0243	0.0216	0.0213	0.0221	0.0226
C. cinereus	0.2871	0.2347	0.2400	0.2247	0.2388	0.1880	0.2104	0.2009	0.2046	0.1873		0.0144	0.0280	0.0232	0.0233	0.0222	0.0248	0.0248	0.0238	0.0234	0.0237
C. cinereus_2	0.2988	0.2387	0.2371	0.2291	0.2463	0.1785	0.1980	0.1963	0.1845	0.1950	0.0881		0.0285	0.0233	0.0241	0.0242	0.0224	0.0244	0.0234	0.0222	0.0229
C. sp_4	0.2773	0.2456	0.2237	0.2328	0.1828	0.2253	0.2428	0.1948	0.1961	0.2294	0.2080	0.2170		0.0271	0.0220	0.0274	0.0267	0.0271	0.0265	0.0246	0.0247
C. orbignyanus	0.3041	0.2101	0.2218	0.2115	0.2292	0.1786	0.2218	0.1804	0.2084	0.1586	0.1730	0.1779	0.1875		0.0125	0.0168	0.0187	0.0188	0.0190	0.0167	0.0168
C. oceanicus	0.2988	0.2249	0.2351	0.2269	0.2228	0.1891	0.2278	0.1991	0.2011	0.1715	0.1760	0.1812	0.1589	0.0719		0.0189	0.0182	0.0186	0.0193	0.0180	0.0175
C. conger	0.2846	0.2246	0.2259	0.1999	0.2132	0.1847	0.2023	0.1885	0.2103	0.1656	0.1621	0.1842	0.1960	0.1079	0.1305		0.0146	0.0164	0.0134	0.0141	0.0139
C. myriaster	0.2926	0.2143	0.2096	0.1869	0.2142	0.2034	0.2090	0.2033	0.2170	0.1934	0.1887	0.1752	0.1955	0.1286	0.1230	0.0968		0.0113	0.0110	0.0103	0.0091
C. sp	0.2862	0.2460	0.2275	0.2179	0.2087	0.2039	0.2193	0.2036	0.2158	0.1796	0.1892	0.1863	0.1980	0.1289	0.1243	0.1070	0.0607		0.0088	0.0080	0.0076
C. verreauxi	0.2706	0.2498	0.2189	0.2032	0.2000	0.2076	0.2207	0.2017	0.2174	0.1744	0.1863	0.1813	0.1930	0.1356	0.1313	0.0842	0.0596	0.0394		0.0065	0.0074
C. verreauxi_2	0.2751	0.2268	0.2168	0.2043	0.2031	0.1998	0.2220	0.1991	0.2059	0.1819	0.1795	0.1712	0.1767	0.1120	0.1186	0.0895	0.0524	0.0327	0.0259		0.0050
C. macrocephalus	0.2716	0.2270	0.2206	0.2000	0.2061	0.2049	0.2221	0.2007	0.2089	0.1865	0.1848	0.1788	0.1794	0.1166	0.1173	0.0915	0.0502	0.0352	0.0357	0.0188	

Tabela 19: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Conger*.

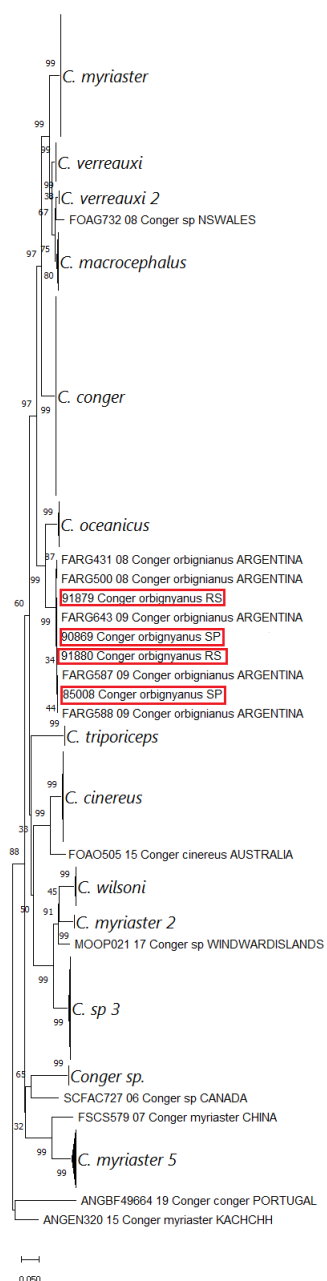


Figura 30: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Conger* construídas com as sequências de COI.

5.8 Família Muraenesocidae

No total, 3 espécimes de Muraenesocidae (*Cynoponticus savanna*) foram amostradas durante esse estudo, sendo 1 de São Paulo, 1 do Pará e 1 da Bahia.

Adicionamos 2 sequências do gênero *Cynoponticus* retiradas do BOLD. No total, 5 sequências foram usadas para a construção do dendograma e análises dessa família.

A árvore Neighbour-Joining (NJ) da família Muraenesocidae (figura 31) indicou duas populações para *C. savanna* para os indivíduos do Brasil, com *bootstrap* de 100%.

A análise ABGD teve como resultado: partição 1 encontrou 1 grupo ($P = 0.001$).

O valor de distância média geral foi de 0.13 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters	
<i>C. ferox</i>	0
<i>C. savanna</i>	0.0113

Tabela 19: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Cynoponticus*.

Clusters	
<i>C._ferox</i>	0.023
<i>C._savanna</i>	0.218

Tabela 20: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Cynoponticus*.

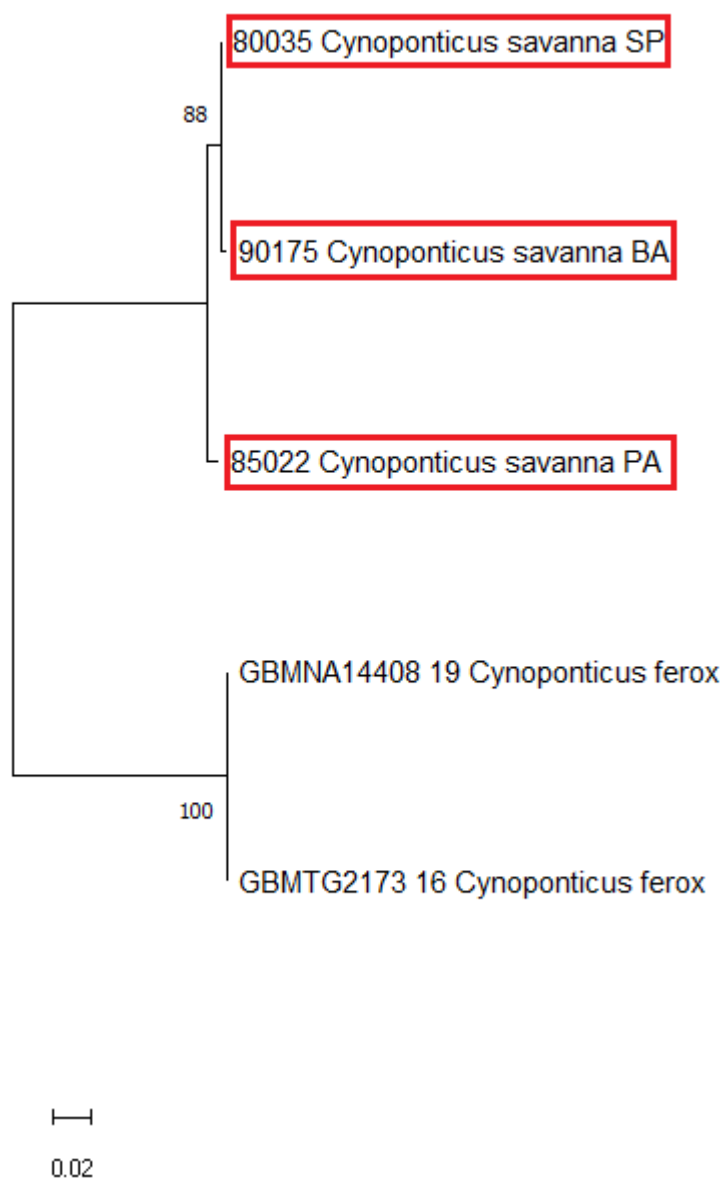


Figura 31: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Cynoponticus* construídas com as sequências de COI.

5.9 Família Ophichthidae

No total, 8 espécimes de Ophichthidae (2 *Ophichthus ophis*, 2 *Ophichthus cylindroideus* e 4 *Echiophis intertinctus*) foram amostradas durante nosso estudo, sendo

os espécimes de *E. intertinctus* e *O. ophis* de São Paulo e *O. cylindroideus* 1 da Bahia e 1 do Ceará.

Foram adicionadas 38 sequências do BOLD dos gêneros *Echiophis* e *Ophichthus*. No total, 46 sequências foram utilizadas nas análises e dendogramas dessa família.

A árvore de Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Ophichthus* (figura 32), formaram-se grupos, observando-se duas linhagens de *O. gomesii*, uma da América do Norte e uma da América do Sul, com valor de *bootstrap* de 98%. Duas populações também se observaram em *O. cylindroideus*, com *bootstrap* de 100%. *O. ophis* confirmou-se como uma espécie diferente das demais do gênero com valor de *bootstrap* de 100%. Os resultados da análise ABGD formou: partição 1 encontrou 1 grupo ($P = 0.001$). O valor de distância média geral foi de 0.14 ± 0.01 .

A árvore de Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Echiophis* (figura 33) apresentou *E. intertinctus* mais relacionado com *E. punctifer*, que por sua vez, apresentou duas linhagens, com valor de divergência genética de 1,6%. Nossos resultados representam os primeiros dados genéticos da espécie em território brasileiro. A análise ABGD formou: partições 1 – 8 encontraram 2 grupos ($P = 0.001 - 0.036$). O valor de distância média geral foi de 0.09 ± 0.01 .

Os valores de divergência genética entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters	
<i>O. cylindroideus</i>	0.0095
<i>O. celebicus</i>	0
<i>O. apicalis</i>	0.0046
<i>O. obtusus</i>	n/c
<i>O. polyophthalmus</i>	n/c
<i>O. brevicaudatus</i>	0.0031
<i>O. zophochir</i>	n/c
<i>O. zophochir 2</i>	0.0015
<i>O. gomesii</i>	0.045
<i>O. melanoporus</i>	n/c

Tabela 21: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Ophichthus*.

[illegible]

Tabela 22: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Ophichthus*.

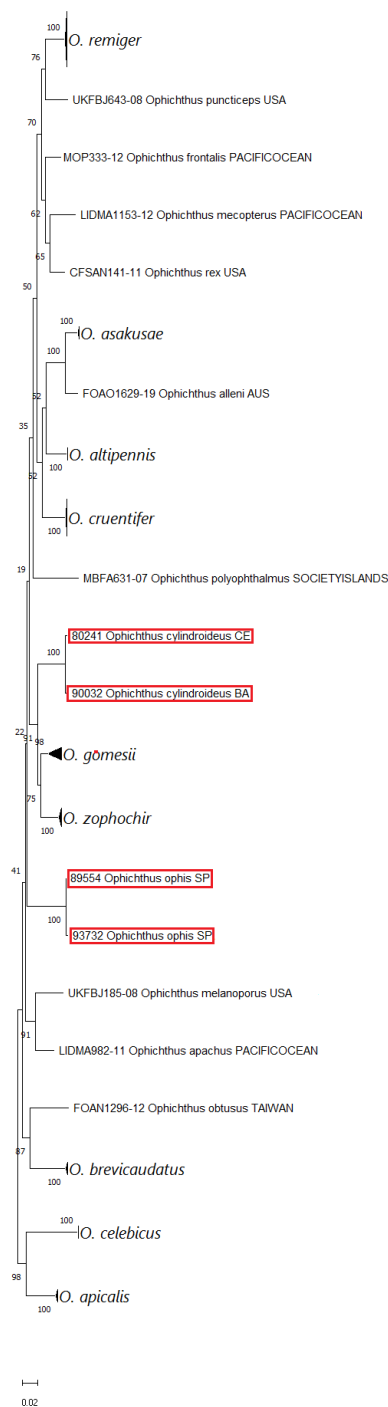
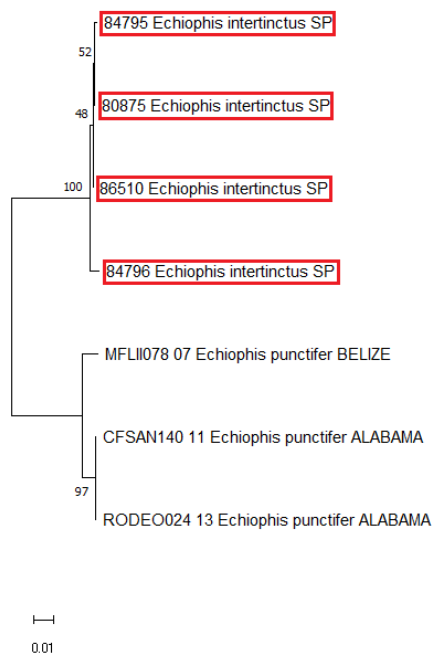


Figura 32: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Ophichthus* construídas com as sequências de COI.

Clusters	
<i>E. intertinctus</i>	0.0044
<i>E. punctifer</i>	0.0114

Tabela 23: Distância genética (T92) dentre os grupos do gênero *Echiophis*.

Clusters	
<i>E._intertinctus</i>	0.0131
<i>E._punctifer</i>	0.0873

Tabela 24: Distância genética (T92) entre os grupos do gênero *Echiophis*.**Figura 33:** Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Echiophis* construídas com as sequências de COI.

5.10 Família Scianidae

Um total de 5 espécimes (3 *Pareques acuminatus* e 2 *Umbrina canosai*) foram amostradas nesse estudo, sendo 2 *P. acuminatus* de Santa Catarina, 1 *P. acuminatus* de São Paulo e 2 *U. canosai* de Rio Grande do Sul.

Adicionalmente, 89 sequências foram extraídas do BOLD, sendo essas espécies dos gêneros *Pareques* e *Umbrina*. No total, 94 espécies compuseram as análises e dendogramas dessa família.

Na árvore de Neighbor-Joining (NJ) do gênero *Umbrina* (figura 34), obtivemos 13 grupos, sendo possível identificar diferentes linhagens para *U. cirrosa*, *U. canosai* como grupo irmão de *U. roncadorensis*, com valor de bootstrap de 62%; dois clusters para *U. coroides* (100% bootstrap), um da América do Sul (90%) e outro da América do Norte (99%). Os dois indivíduos sequenciados aqui caem próximos geneticamente de *U. roncadorensis* coletado na Califórnia, no Pacífico ocidental. Os resultados da análise ABGD foram: partição 1 encontrou 15 grupos ($P = 0.001$); partições 2 e 3 encontraram 14 grupos ($P = 0.002 - 0.003$); partições 4 – 6 encontraram 12 grupos ($P = 0.005 - 0.013$); partição 7 encontrou 11 grupos ($P = 0.021$); partição 8 encontrou 10 grupos ($P = 0.0036$). O valor de distância média geral foi de 0.13 ± 0.01 .

Na árvore do gênero *Pareques*, dois clusters aparecem para *P. acuminatus*, obtendo o primeiro cluster um valor de bootstrap de 99%, dividindo os indivíduos em dois ramos: o primeiro ramo sendo constituído de indivíduos da América do Sul (bootstrap de 99%) e o segundo ramo de indivíduos da América do Norte (bootstrap de 100%). A análise ABGD apresentou: partições 1 e 2 encontraram 15 grupos $P = 0.001 - 0.002$; partições 3 – 8 encontraram 5 grupos ($P = 0.003 - 0.036$). O valor de distância média geral foi de 0.07 ± 0.01 .

As divergências genéticas entre os grupos estão representadas nas tabelas abaixo.

Clusters	
<i>U. canosai</i>	0.0019
<i>U. broussonnetii</i>	n/c
<i>U. bussingi</i> 2	0.0085
<i>U. bussingi</i>	n/c
<i>U. robinsoni</i>	0.0047
<i>U. canariensis</i>	0.0047
<i>U. cirrosa</i> 2	0.0032
<i>U. cirrosa</i>	0.0027
<i>U. coroides</i>	0
<i>U. coroides</i> 2	0.0007
<i>U. xanti</i>	n/c
<i>U. galapagorum</i>	0.0026

U. roncadore

n/c

Clusters													
<i>U. canosai</i>		0.01721	0.01560	0.01591	0.01622	0.01647	0.01591	0.01600	0.01712	0.01762	0.01392	0.01431	0.01506
<i>U. broussonnetii</i>	0.15581		0.01936	0.01976	0.01929	0.02083	0.01856	0.01763	0.01493	0.01668	0.01693	0.01624	0.02115
<i>U. bussingi_2</i>	0.13216	0.20468		0.00223	0.01614	0.01520	0.01413	0.01648	0.01745	0.01894	0.01818	0.01785	0.01744
<i>U. bussingi</i>	0.13470	0.20798	0.00625		0.01637	0.01523	0.01421	0.01685	0.01749	0.01914	0.01872	0.01803	0.01747
<i>U. robinsoni</i>	0.15990	0.20291	0.14624	0.14466		0.01301	0.01251	0.01590	0.01949	0.01959	0.01763	0.01762	0.01945
<i>U. canariensis</i>	0.14834	0.20871	0.12817	0.12877	0.11152		0.01146	0.01614	0.01956	0.02004	0.01690	0.01667	0.01887
<i>U. cirrosa_2</i>	0.13933	0.18567	0.11485	0.11629	0.09149	0.08239		0.00884	0.01769	0.01935	0.01856	0.01699	0.01763
<i>U. cirrosa</i>	0.15006	0.16887	0.15972	0.16378	0.13919	0.14201	0.05601		0.01738	0.01865	0.01654	0.01598	0.02002
<i>U. coroides</i>	0.15471	0.13529	0.17881	0.17937	0.20209	0.19509	0.17468	0.16909		0.00601	0.01794	0.01683	0.01926
<i>U. coroides_2</i>	0.15254	0.13820	0.18561	0.18704	0.20123	0.19058	0.18585	0.17479	0.02140		0.01666	0.01579	0.01812
<i>U. xanti</i>	0.12254	0.14247	0.17622	0.18018	0.18559	0.16695	0.17831	0.14894	0.14399	0.12931		0.00721	0.01783
<i>U. galapagorum</i>	0.12761	0.14876	0.17496	0.17611	0.19546	0.17090	0.16873	0.15299	0.14804	0.13204	0.03170		0.01752
<i>U. roncadore</i>	0.11656	0.18403	0.15047	0.14884	0.17620	0.16219	0.14701	0.18412	0.17013	0.16265	0.14346	0.14543	

Tabela 23: Distância genética (K2) dentre os grupos do gênero *Umbrina*.

Tabela 24: Distância genética (K2) entre os grupos do gênero *Umbrina*.

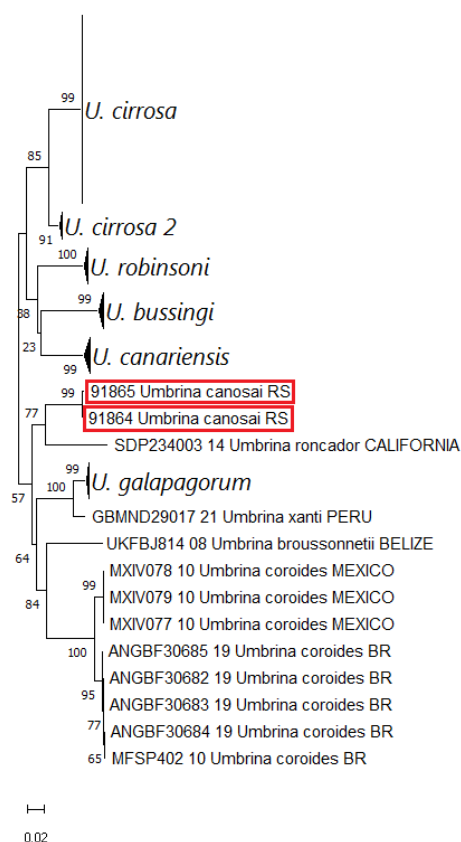


Figura 34: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Umbrina* construídas com as sequências de COI.

Clusters

P. acuminatus 2 0.0019

P. acuminatus 0.0006

P. umbrosus 0.0018

P. perissa 0.0033

P. sp n/c

P. viola n/c

Tabela 25: Distância genética (K2) dentre os grupos do gênero *Pareques*.

Clusters

P._acuminatus_2 0.01026 0.01280 0.01557 0.01285 0.01443

P._acuminatus 0.05971 0.01280 0.01565 0.01327 0.01420

P._umbrosus 0.09300 0.09984 0.01508 0.00336 0.01316

P._perissa 0.14633 0.14154 0.15230 0.01556 0.01663

P._sp 0.09191 0.09894 0.00807 0.15772 0.01319

P._viola 0.11864 0.11308 0.09834 0.15800 0.09909

Tabela 26: Distância genética (K2) entre os grupos do gênero *Pareques*.

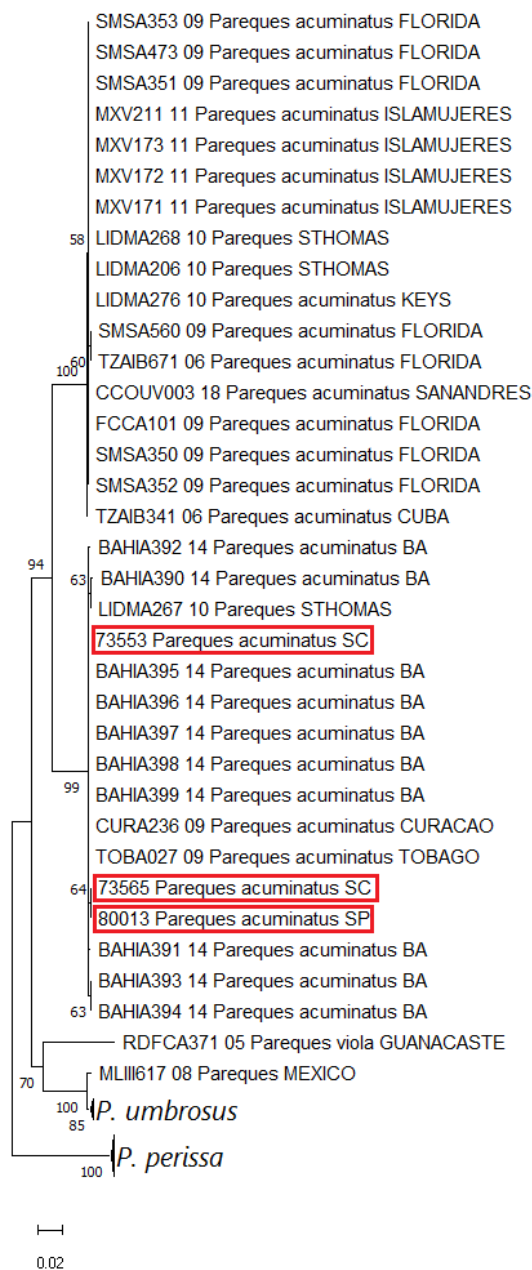


Figura 35: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Pareques* construídas com as sequências de COI.

5.11 Família Cyclopsettidae

No total, 6 espécimes de Cyclopsettidae, (*Etropus crossotus*) foram sequenciadas durante nosso estudo, sendo 5 de São Paulo e 1 do Rio de Janeiro.

Foram adicionadas 26 sequências extraídas do BOLD do gênero *Etropus*. No total, 32 sequências fizeram parte das análises e dendograma dessa família.

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Etropus* indicou três clusters para *E. crossotus*, sendo um para o Brasil, um para o México e um para os Estados Unidos (figura 36), (*bootstrap* de 100% e 99%, respectivamente).

A análise ABGD teve como resultados: partição 1 encontrou 14 grupos ($P=0.001$); partições 2 – 5 encontrou 12 grupos ($0.002 - 0.008$); partições 6 e 7 encontraram 5 grupos ($P=0.013 - 0.021$); partições 8 – 10 encontraram 4 grupos ($P=0.036 - 0.100$).

O valor de distância média geral foi de 0.08 ± 0 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters

<i>E. microstomus</i>	n/c
<i>E. ectenes</i>	0
<i>E. longimanus</i>	n/c
<i>E. crossotus</i> 3	n/c
<i>E. crossotus</i>	0.0117
<i>E. crossotus</i> 2	0.0043

Tabela 27: Distância genética (K2) dentre os grupos do gênero *Etropus*.

Clusters

<i>E._microstomus</i>		0.0166	0.0152	0.0150	0.0155	0.0158
<i>E._ectenes</i>	0.1731		0.0160	0.0156	0.0150	0.0155
<i>E._longimanus</i>	0.1575	0.1427		0.0148	0.0143	0.0143
<i>E._crossotus_3</i>	0.1677	0.1356	0.1364		0.0096	0.0094
<i>E._crossotus</i>	0.1773	0.1421	0.1335	0.0666		0.0047
<i>E._crossotus_2</i>	0.1757	0.1388	0.1319	0.0648	0.0211	

Tabela 28: Distância genética (K2) entre os grupos do gênero *Etropus*.

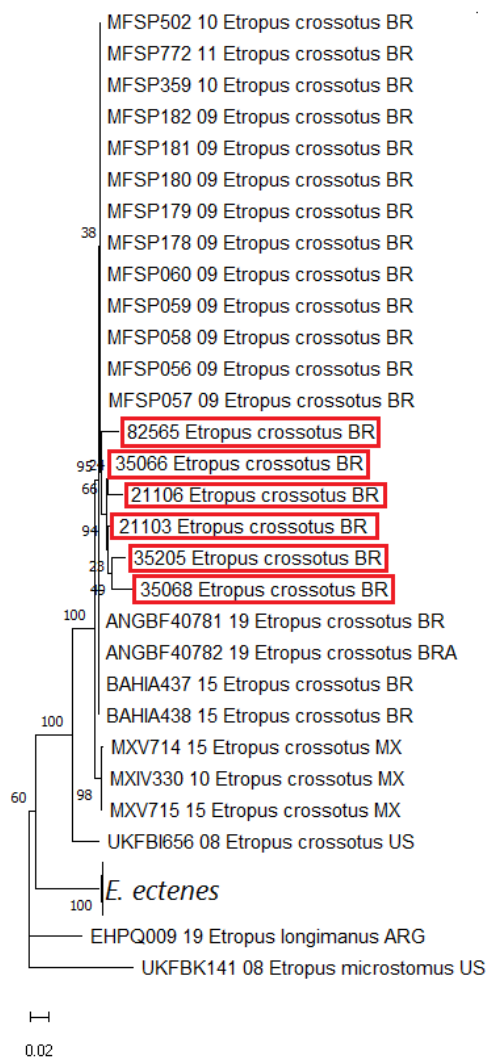


Figura 36: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Etropus* construídas com as sequências de COI.

5.12 Família Belonidae

No total, 2 espécimes da família Belonidae foram sequenciadas durante esse trabalho, ambas de São Paulo. Além disso, 26 sequências da única espécie do gênero *Ablennes* (*Ablennes hians*) retiradas do BOLD foram adicionadas às análises e dendogramas desse gênero.

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Ablennes* formou 7 grupos para a espécie *A. hians* (figura 37). As sequências amostradas por nós foram agrupadas (*bootstrap* 94%) como grupo irmão (*bootstrap* 98%) da sequência dos Estados Unidos.

Os resultados da análise ABGD foram: partição 1 encontrou 11 grupos ($P = 0.001$); partições 2 – 4 encontraram 9 grupos ($P = 0.002 - 0.005$); partição 5 encontrou 7 grupos ($P = 0.008$); partições 6 – 8 encontrou 6 grupos ($P = 0.013 - 0.036$).

O valor de distância média geral foi de 0.06 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters	
<i>A. hians</i> 5	n/c
<i>A. hians</i> 7	0.0106
<i>A. hians</i> 2	n/c
<i>A. hians</i> 6	n/c
<i>A. hians</i>	0.0006
<i>A. hians</i> 4	0.0096
<i>A. hians</i> 3	n/c

Tabela 29: Distância genética (TN93) dentre os grupos do gênero *Ablennes*.

Clusters						
<i>A._hians_5</i>	0.0139	0.0149	0.0105	0.0105	0.0112	0.0103
<i>A._hians_7</i>	0.0855	0.0157	0.0096	0.0120	0.0134	0.0132
<i>A._hians_2</i>	0.0884	0.0988	0.0149	0.0125	0.0120	0.0108
<i>A._hians_6</i>	0.0613	0.0528	0.0860	0.0093	0.0111	0.0097
<i>A._hians</i>	0.0630	0.0748	0.0657	0.0537	0.0098	0.0090
<i>A._hians_4</i>	0.0683	0.0880	0.0612	0.0675	0.0549	0.0041
<i>A._hians_3</i>	0.0596	0.0862	0.0508	0.0579	0.0466	0.0145

Tabela 30: Distância genética (TN93) entre os grupos do gênero *Ablennes*.

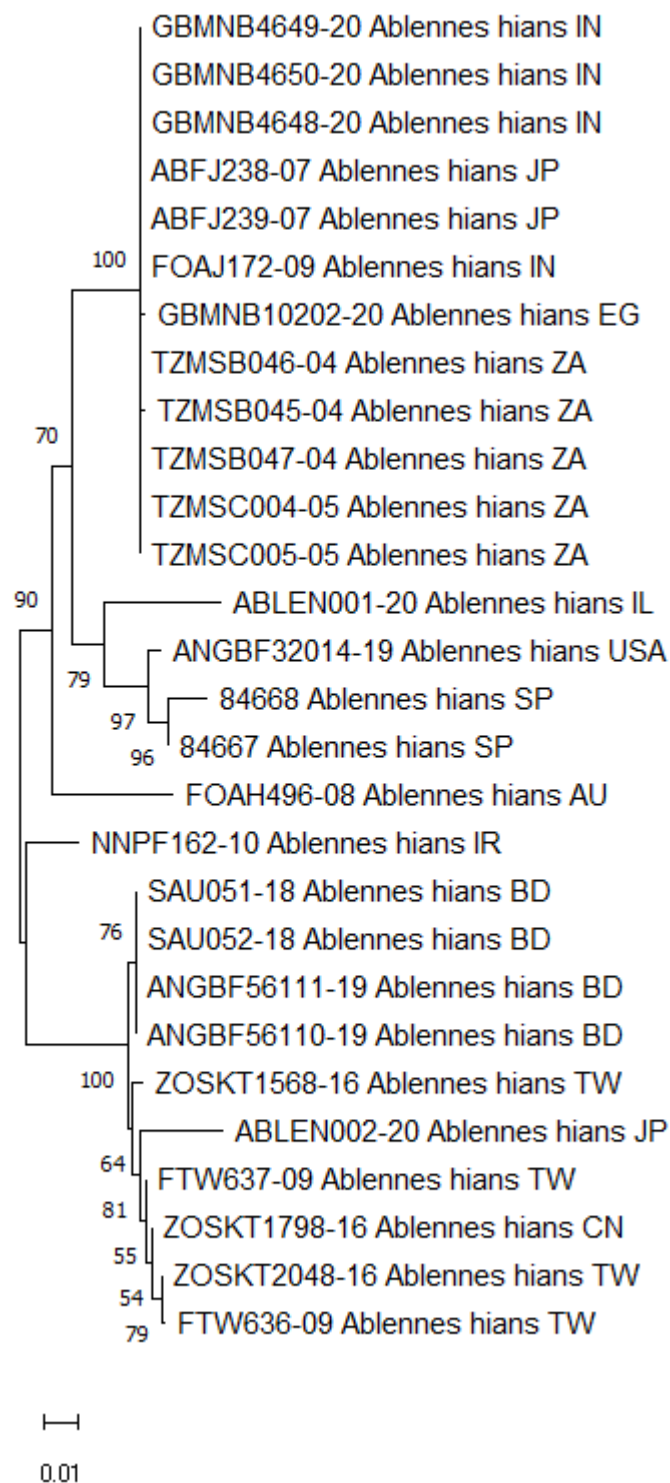


Figura 37: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Ablennes* construídas com as sequências de COI.

5.13 Família Exocoetidae

No total, 1 espécime da família Exocoetidae (*Cheilopogon melanurus*) foi obtida durante nosso trabalho, sendo essa de São Paulo. Para a construção do dendograma, 104 sequências do gênero *Cheilopogon* retiradas do BOLD também compuseram as análises.

A árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Cheilopogon* indicou que *C. melanurus* está mais relacionado às sequências de *C. exiliens* (bootstrap de 99%) do que com as demais do gênero (figura 38).

O resultado da análise ABGD foi: partição 1 encontrou 1 grupo (P= 0.001).

O valor de distância média geral foi de 0.06 ± 0.01 . Os valores de divergência genética dentre e entre os grupos estão apresentados nas tabelas abaixo.

Clusters	
<i>C. altipennis</i>	0.005
<i>C. pinnatibarbatus</i>	0.0022
<i>C. melanurus</i>	n/c
<i>C. exiliens</i>	0.0023
<i>C. furcatus</i> 3	0.0066
<i>C. furcatus</i> 2	0.0057
<i>C. unicolor</i>	0.002
<i>C. pitcairnsensis</i>	0.0024
<i>C. spilonopterus</i> 4	n/c
<i>C. furcatus</i>	n/c
<i>C. intermedius</i>	0.0019
<i>C. spilonopterus</i> 3	n/c
<i>C. agoo</i>	0.0038
<i>C. spilonopterus</i>	0
<i>C. spilonopterus</i> 2	0.0057
<i>C. exiliens</i>	0.0059
<i>C. cyanopterus</i>	0.0116

Tabela 31: Distância genética (T92) dentre os grupos do gênero *Cheilopogon*.

Clusters																	
<i>C. altipennis</i>		0.00466	0.01427	0.01275	0.01165	0.01326	0.01430	0.01400	0.01280	0.01243	0.01226	0.01164	0.01178	0.01323	0.01292	0.01285	0.01264
<i>C. pinnatibarbatus</i>	0.01401		0.01445	0.01310	0.01245	0.01308	0.01427	0.01447	0.01294	0.01297	0.01290	0.01228	0.01241	0.01321	0.01303	0.01306	0.01286
<i>C. melanurus</i>	0.10649	0.10806		0.00354	0.00728	0.00721	0.00668	0.00770	0.01155	0.01270	0.01216	0.01421	0.01302	0.01252	0.01254	0.01210	0.01243
<i>C. exiliens</i>	0.09355	0.09704	0.00835		0.00592	0.00582	0.00548	0.00659	0.01069	0.01262	0.01138	0.01358	0.01238	0.01215	0.01218	0.01177	0.01177
<i>C. furcatus_3</i>	0.07731	0.08182	0.03189	0.02423		0.00539	0.00556	0.00608	0.01134	0.01161	0.01090	0.01249	0.01139	0.01056	0.01111	0.01070	0.01064
<i>C. furcatus_2</i>	0.09137	0.08948	0.03287	0.02621	0.02490		0.00517	0.00627	0.01136	0.01191	0.01136	0.01376	0.01267	0.01193	0.01184	0.01128	0.01121
<i>C. unicolor</i>	0.09614	0.09549	0.02634	0.01990	0.02060	0.01963		0.00502	0.01074	0.01203	0.01087	0.01307	0.01234	0.01150	0.01172	0.01135	0.01149
<i>C. pitcaimensis</i>	0.09788	0.09936	0.03416	0.02766	0.02250	0.02543	0.01616		0.01143	0.01208	0.01086	0.01270	0.01277	0.01239	0.01234	0.01233	0.01249
<i>C. spilonotopterus_4</i>	0.08484	0.08483	0.06753	0.05933	0.06353	0.06054	0.05856	0.06412		0.00991	0.00876	0.01073	0.01094	0.01100	0.01070	0.01176	0.01125
<i>C. furcatus</i>	0.07817	0.08259	0.08063	0.08062	0.06702	0.06816	0.07012	0.06813	0.04960		0.00671	0.01140	0.01106	0.01143	0.01160	0.01225	0.01145
<i>C. intermedius</i>	0.07818	0.08351	0.07897	0.07071	0.06248	0.06341	0.06088	0.06078	0.03978	0.02125		0.01059	0.01052	0.01124	0.01117	0.01119	0.01082
<i>C. spilonotopterus_3</i>	0.07780	0.08209	0.09323	0.08627	0.07422	0.08570	0.08133	0.07662	0.06368	0.06507	0.06039		0.01011	0.01173	0.01171	0.01176	0.01110
<i>C. agoo</i>	0.07196	0.07612	0.08348	0.07654	0.06315	0.07168	0.07015	0.07279	0.06077	0.05777	0.05572	0.05189		0.01036	0.01075	0.01006	0.00995
<i>C. spilonotopterus</i>	0.08732	0.08811	0.08636	0.08163	0.06334	0.07155	0.07129	0.07789	0.06152	0.06499	0.06696	0.06991	0.05799		0.00392	0.00937	0.00923
<i>C. spilonotopterus_2</i>	0.08670	0.08903	0.08887	0.08413	0.07047	0.07206	0.07390	0.07830	0.06012	0.06906	0.06740	0.07437	0.06172	0.01099		0.00923	0.00903
<i>C. exsiliens</i>	0.08331	0.08542	0.07833	0.07321	0.06379	0.06495	0.06744	0.07404	0.07370	0.07074	0.06249	0.07070	0.05338	0.05006	0.05113		0.00581
<i>C. cyanopterus</i>	0.08178	0.08316	0.08456	0.07588	0.06476	0.06491	0.06891	0.07541	0.06615	0.06273	0.06022	0.06534	0.04947	0.04795	0.04916	0.02630	

Tabela 32: Distância genética (T92) entre os grupos do gênero *Cheilopogon*.

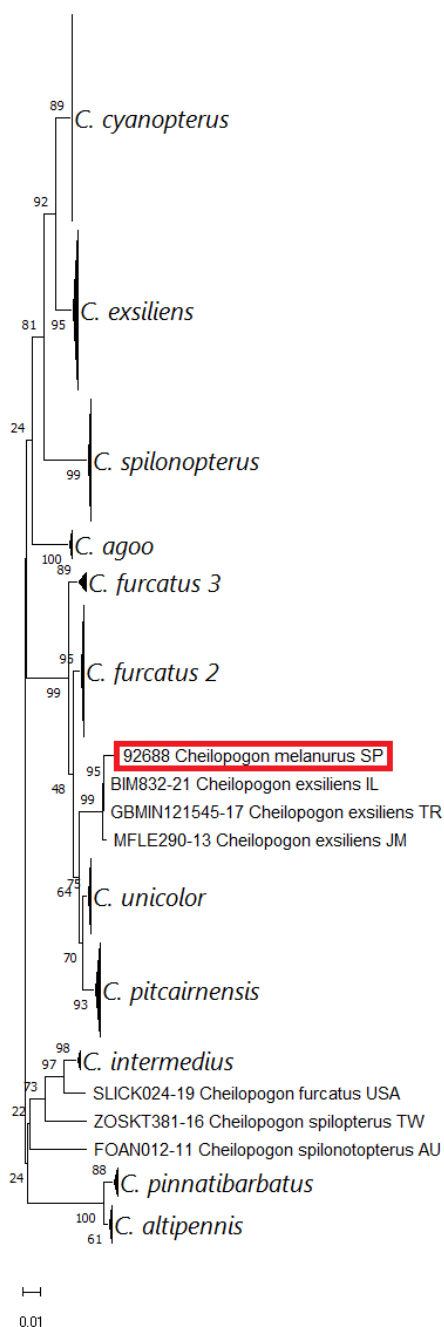


Figura 38: Árvore de Neighbour-Joining (NJ) do gênero *Cheilopogon* construídas com assequências de COI.

6.0 DISCUSSÃO

Dado o crescente declínio da biodiversidade mundial, se faz necessário uma aceleração na taxa em que seu conhecimento é obtido (Savage, 1995). Um dos fatores que tem contribuído para o crescimento no conhecimento da biodiversidade da ictiofauna

marinha é a ferramenta de identificação molecular, que utiliza um fragmento do gene COI do DNA mitocondrial com aproximadamente 650 pb com alta taxa mutacional (Saccone, 1999). A metodologia do DNA *barcode* vem sendo utilizada na discriminação das espécies, comparando as divergências genéticas de espécies alvo com espécies já descritas por taxonomistas (Baker, 2008). Espécimes de peixe com sequências de COI divergentes foram confirmadas como novas espécies através de análises taxonômicas integrativas (Zhong-Duo, 2012). DNA *barcode* também é uma importante ferramenta para ampliar a compreensão das interações ecológicas e a história natural de espécies de peixes (Ward, *et al.* 2009). Dessa forma, é um dos genes mais utilizados para a identificar novas espécies de peixes (Roxo *et al.*, 2012; Guimarães *et al.*, 2018).

As espécies são as unidades fundamentais da biologia do organismo e, embora o conceito de espécie não tenha alcançado um consenso, associar nomes com grupos de indivíduos são cruciais para definir prioridades na conservação da biodiversidade. O gene COI se mostrou eficaz, oferecendo não apenas uma nova forma de identificação de peixes, mas também uma boa ferramenta para futuras revisões taxonômicas (Zhong-Duo, 2012).

São muitos os desafios encontrados pelos cientistas para explicar os modelos de especiação, principalmente se tratando de organismos marinhos, já que nesses ambientes muitas das espécies possuem amplas faixas geográficas, grandes tamanhos populacionais e longos estágios de fase larval que permitem a conectividade genética entre áreas biogeográficas distantes (Lessios & Robertson, 2006; Bowen *et al.*, 2013). Muitos autores propuseram um limiar de divergência genética. Para Hebert *et al.* (2003) uma espécie poderia ser considerada nova quando o limite de distância interespecífica fosse dez vezes superior à sua distância média intraespecífica. Para Smith *et al.* (2005) esse limite de distância genética seria de cerca de 3%.

Conforme O'Toole (2002), o gênero *Remora* é considerado parafilético com base na posição do gênero monotípico *Remorina*, sugerindo que uma revisão taxonômica é necessária. *Remora remora* apresentou duas linhagens, com valores de divergência genética de 17%. Essa espécie apresenta distribuição circumglobal em mares tropicais a temperados, incluindo Golfo do México, Mar do Caribe, Mar Báltico ocidental, Mar do Norte, Mar Mediterrâneo, Mar de Mármara, Mar Vermelho, Mar do Japão (Fricke *et al*, 2021). Gray *et al* (2009), apoiam a teoria de que o “marlinsucker” do Atlântico (*Remora osteochir*) foi isolado de seus coespecíficos do Pacífico e, posteriormente, trazidos de volta ao contato no passado geológico relativamente recente, bem como a hipótese de que a população atlântica foi secundariamente colonizada pelos indivíduos do Indo-Pacífico. Não é raro que altos índices de diversidade genética e estruturas geográficas complexas sejam encontrados em espécies com ampla distribuição (Grant & Bowen, 1998).

Três eventos vicariantes que ocorreram durante os últimos 20 milhões de anos foram postulados como responsáveis pelo isolamento entre peixes marinhos tropicais e subtropicais do Atlântico e do Pacífico: o fechamento do Tethys Seaway (15-20 m.a), a ascensão do istmo do Panamá (3,1-3,5 m.a) e o desenvolvimento do sistema de ressurgência de Benguela ao largo da África do Sul (2,0– 2,5 m.a) (Bermingham *et al*, 1997; Bowen *et al*, 2001; Rocha *et al*, 2005). Alguns estudos têm demonstrado que a ressurgência de Benguela é algo permeável, e que contato entre a fauna do Atlântico e do Oceano Índico ocorreu desde o seu início (Vermeij e Rosenberg, 1993; Graves e McDowell, 1995, 2003; Buonaccorsi *et al*, 2001; McDowell, 2002; Peeters *et al*, 2004; Durand *et al*, 2005; Martinez *et al*, 2006). O contato secundário envolvendo a migração unidirecional entre a barreira de ressurgência de Benguela durante os períodos interglaciais tem sido utilizado para explicar a presença de duas linhagens separadas de mtDNA em vários peixes pelágicos do Atlântico (Buonaccorsi *et al*, 2001; McDowell, 2002; Graves e McDowell, 2003; Durand *et al*, 2005; Martinez *et al*, 2006). Nos últimos

2 milhões anos, os ciclos glacial-interglaciais ocorreram na ordem de 100.000 anos (com vários eventos transitórios de aquecimento/resfriamento no meio), sugerindo inúmeros potenciais períodos de contato interoceânico entre peixes pelágicos alopátricos do Atlântico e Pacífico (Peeters et al., 2004; Rocha et al., 2005).

Confinamos a distribuição circunglobal de *Rachycentron canadum*, como observado por Shaffer e Nakamura (1989). Apesar de *R. canadum* possuir hábitos migratórios (Hamilton et al., 2014), estudos com base na análise de marcadores moleculares do tipo microsatélite e haplótipos de DNA mitocondrial têm demonstrado que as populações selvagens desta espécie apresentam alta similaridade genética (Benetti et al., 2010). Por outro lado, já se tem observado uma diversidade genética em *R. canadum* quando comparado amostragens de diferentes regiões (Ali et al., 2009), o que sugere a necessidade de realização de uma revisão morfológica e sistemática para desvendar a real diversidade existente na família.

Estudos sobre a ecologia e distribuição de *Pomadasys ramosus* e *Pomadasys corvinaeformis* da costa do Atlântico Ocidental são escassos (Silva, 2018). Ribeiro et al. (2012) constataram em análises filogenéticas que um indivíduo de *Pomadasys corvinaeformis* divergiu das espécies do mesmo gênero em 2,2%, enquanto as distâncias entre os demais espécimes restantes no subgrupo eram nulas. As espécies *Pomadasys kaakan* e *Pomadasys argenteus* apresentam mesmo padrão geográfico (Carpenter et al., 1997; Masuda et al., 1984), em nosso estudo se apresentaram num mesmo ramo, o que evidencia um gap no conhecimento taxônomico.

Em Carangidae, *Uraspis helvola* e *Uraspis secunda*; *Trachinotus blochii* e *Trachinotus mookalee*, também demonstraram instâncias de possíveis sinonímias. Pouco se sabe sobre identificação, diversidade genética populacional e evolução molecular da espécie *Uraspis secunda* (Ma et al, 2015), portanto, mais estudos com essa espécie devem

ser realizados. A biologia de *Trachurus lathami* foi estudada por Saccardo (1980, 1987) que analisou seu crescimento, reprodução, estrutura e distribuição populacional. Ela sugeriu a ocorrência de duas subpopulações habitando, respectivamente, águas do sudeste e sul do Brasil. Nossas análises sugeriram que *T. lathami* apresenta duas linhagens, uma para América do Sul e outra para América do Norte. Caracteres de DNA podem ajudar a destacar espécies que precisam de revisão taxonômica adicional, porque tais espécies mostram um valor relativamente alto de variabilidade intraespecífica em comparação a outras espécies pertencentes ao mesmo gênero ou família (Packer *et al.* 2009).

Em Scombridae, os grupos de *Sarda sarda* apresentaram valores superiores a 2%, o que sugere que as linhagens apresentam diferentes espécies mundialmente. Essa espécie possui distribuição transatlântica, ocupando águas tropicais, subtropicais e temperadas: no oeste da Nova Escócia à costa norte da Argentina, incluindo o Golfo do México, e no leste da Escandinávia ao Sul África, mas também incluindo o Mar Mediterrâneo e o Mar Negro. Rey *et al.* (1984) hipotetizaram que duas subpopulações isoladas existem no Mediterrâneo, e foi parcialmente corroborado pelos estudos de genética molecular de Roberti *et al.* (1993) e Pujolar *et al.* (2001).

Elevadas taxas de diversificação (e maiores taxas de especiação) existem entre regiões tropicais e subtropicais em diferentes famílias de peixes, incluindo Labridae (Siqueira *et al.* 2016). Em nossas análises, observamos quatro diferentes linhagens para *Xyrichtys novacula*, com divergência genética superiores a 2%, sendo uma linhagem da América do Sul, uma linhagem do Caribe e duas linhagens que apresentaram somente um representante, ambas de São Paulo. Nichio *et al.* (2019), evidenciaram a presença de diferentes espécies crípticas em toda a distribuição de *X. novacula* e a presença de divergência parapátrica em andamento na Venezuela.

Em Congridae, *Conger orbignyanus* se apresenta como uma única linhagem da América do Sul, distintas das demais espécies do gênero. Muitos estudos anteriores apoiaram a não monofilia de Congridae (Inoue *et al.*, 2010; Santini *et al.*, 2013; Lu *et al.*, 2019).

Em Muraenesocidae, há o reconhecimento de duas populações para *Cynoponticus savanna* no Brasil, porém mais amostras precisam ser adicionadas às análises para confirmar esse dado. Há poucas informações disponíveis sobre a biologia e distribuição de *C. savanna* (Nunes, 2015) e suas relações.

Na família Ophichthidae, nosso trabalho sugeriu que *Ophichthus gomesii* e *Ophichthus cylindroideus* apresentam linhagens distintas. Bingpeng *et al.* (2020) observaram que a maioria dos níveis de divergência intraespecífica foi inferior a 1%, demonstrando boa capacidade de identificação de espécies do gene COI para a identificação de Ophichthidae ao nível de espécie (De Brito *et al.*, 2015), porém demonstram em seus resultados que o gene COI é inadequado como um marcador molecular para a análise filogenética de peixes Ophichthidae em níveis de gênero e família. Também foram sugeridas duas possíveis linhagens para *Echiophis punctifer*, com divergência genética de 1,6%.

Na família Scianidae, a divergência genética interespecífica de duas linhagens de *Pareques acuminatus* foi de 5,0%, divididos em América do Sul e América do Norte. Estes resultados apontam uma possível subestruturação na população já que índices de 2% de divergência genética são sugestivos, como corte heurístico, para delimitar novas espécies com o emprego do DNA *barcode* (Hebert *et al.* 2004; Hubert *et al.* 2008; Ward *et al.* 2009). Estudos têm revelado estruturação populacional para várias espécies de peixes (Santos *et al.*, 2006; Rodrigues *et al.*, 2014; Silva *et al.*, 2014) assim como

observado em *Umbrina coroides* em que a divergência genética entre as linhagens foi superior a 2%.

Nossos resultados da família Cyclopsettidae sugerem 3 linhagens diferentes para a espécie *Etropus crossotus*, com valores de distância genética entre esses grupos maiores que 2%. Segundo Campbell *et al* (2019), a taxonomia alfa e beta dos linguados ainda estão em andamento e muitas pesquisas provavelmente sugerirão novas espécies e famílias, que deverão ser reconhecidas a partir de análises taxonomicas integrativas desse rico grupo que se caracteriza pela falta de conhecimento da real identidade taxonomica e diversidade.

Em Belonidae, a espécie *Ablennes hians* formou 7 grupos e a altos valores de divergência genética entre eles. Nossos resultados corroboram com análises moleculares recentes de *A. hians* coletadas em uma ampla distribuição geográfica, que revelou que essa espécie, anteriormente considerada uma única espécie circumtropical, pode ser vários táxons crípticos (Tadmor-Levi *et al*, 2020). Quando usamos dados de bancos de dados públicos, como BOLD ou NCBI, há um risco maior de usar sequências que foram inseridas com base em espécimes erroneamente identificados ou que contêm erros de sequenciamento (Meiklejohn *et al*, 2019). No entanto, como observado nos grupos 1 e 4 formados em nosso dendograma, alta similaridade em sequências de barcode em diferentes estudos aumentam a confiabilidade dessas sequências (Tadmor-Levi *et al*, 2020). Análises de amostras representando todas as áreas geográficas em que esta espécie é abundante são necessárias para a confirmação do número de táxons crípticos e suas distribuições geográficas.

Na família Exocoetidae, nossos dados mostraram que há uma grande similaridade de espécies dentro do gênero *Cheilopogon*. Lewallen *et al*, (2011) sugeriram o não monofiletismo do gênero *Cheilopogon*, diversos subgêneros já foram propostos (Parin,

1961), embora as amostragens limitadas dos estudos desse gênero tornem difíceis determinar quais clados correspondem à diferentes subgêneros (Lewallen *et al*, 2011). Com isso, uma revisão taxonômica contendo grande amostragem de espécies deve ser realizada para esse gênero.

Apesar da lacuna no conhecimento taxonômico de organismos marinhos, cada vez mais trabalhos vêm sendo realizados para identificar a realidade taxonômica desses peixes. Nosso trabalho contribui para uma prévia análise da identidade molecular dessas espécies, trazendo dados sobre sua diversidade, taxonomia e distribuição. Mais estudos devem ser realizados afim de concluir a real identidade dessas e demais espécies marinhas para se obter maiores informações sobre suas histórias evolutivas, bem com suas definições e amplitude de distribuição (Marceniuk, 2008, 2012, 2016).

7.0 CONCLUSÃO

Por meio dos resultados obtidos, conclui-se que a ferramenta de DNA barcode se mostrou eficiente na identificação e discriminação de peixes da costa brasileira, bem como identificar possíveis casos de sinonimização e especiação desses indivíduos.

As informações desse trabalho e as sequências do gene COI obtidas e futuramente disponibilizadas em bancos de dados poderão servir de base para futuros estudos relacionados ao real estado taxonômico das espécies aqui discriminadas, bem como possibilitar comparações entre a divergência genética interespecíficas de diferentes localidades.

8.0 REFERÊNCIAS

APPELDOORN, R. S.; AGUILAR-PERERA, A.; BOUWMEESTER, B. L. K.; DENNIS, G. D.; HILL, R. L.; MERTEN, W.; RECKSIEK, C. W.; WILLIAMS, S. J. (2009). **Movement of fishes (Grunts: Haemulidae) across the coral reef seascape: A**

review of scales, patterns and processes. *Caribbean Journal of Science*, 45(2-3), 304–316. doi:10.18475/cjos.v45i2.a16

AMARAL, A. C. Z.; JABLONSKI, S. (2005). **Conservação da biodiversidade marinha e costeira do Brasil.** Megadiversidade 1(1):43-51.

BANDEIRA, W. D. (2002). **Revisão taxonômica das espécies brasileiras do gênero Pomadasys Lacépède, 1802 (Teleostei: Haemulidae).** 75pp. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal do Rio de Janeiro, Museu Nacional, Pós Graduação em Ciências Biológicas – Zoologia

BANNIKOV, A.F.; CARNEVALE, G.; LANDINI, W. (2009). **A new Early Miocene genus of the family Sciaenidae (Teleostei, Perciformes) from the eastern Paratethys.** *Comptes Rendus Palevol*;8(6):535- 544. doi: <https://doi.org/10.1016/j.crpv.2009.03.001>

BERRY, F. H.; SMITH-VANIZ, W. F., (1978). **Carangidae.** In: FAO Species Identification Sheets for Fisheries Purposes. Western Central Atlantic. Fishing Area 31, Vol. 1. Ed.: Fisher, W. Rome: FAO.

BERMINGHAM, E.; MCCAFFERTY, S. S.; MARTIN, A. P. (1997). **Fish biogeography and molecular clocks: perspectives from the Panamanian Isthmus.** Pages 113–128 in T. D. Kocher and C. A. Stepien, eds. *Molecular systematics of fishes.* Academic Press, San Diego.

BETANCUR-R, R.; BROUGHTON, R. E.; WILEY, E. O.; CARPENTER, K.; LÓPEZ, J. A.; LI, C.; HOLCROFT, N. I.; ARCILA, D.; SANCANGCO, M.; CURETON, J. C.; ZHANG, F.; BUSER, T.; CAMPBELL, M. A.; BALLESTEROS, J. A.; ROA-VARON, A.; WILLIS, S.; BORDEN, W. C.; ROWLEY, T.; RENEAU, P. C.; ORTÍ, G. (2013). **The Tree of Life and a New Classification of Bony Fishes.** *PLoS Currents*, doi.org/10.1371/currents.tol.53ba26640df0ccaee75bb165c8c26288.

BONECKER, A.C.T., *et al.* (2014). **Ordem Anguilliformes.** In **Catalogo dos estágios iniciais de desenvolvimento dos peixes da bacia de Campos [online].** Curitiba: Sociedade Brasileira de Zoologia, pp. 11-30. Zoologia: guias e manuais de identificação series. ISBN 978-85-98203-10-2. Available from SciELO Books.

BONECKER, A.C.T., *et al.* (2014). **Ordem Beloniformes.** In **Catalogo dos estágios iniciais de desenvolvimento dos peixes da bacia de Campos [online].** Curitiba: Sociedade Brasileira de Zoologia, pp. 153-160. Zoologia: guias e manuais de identificação series. ISBN 978-85-98203-10-2. Available from SciELO Books.

BONECKER, A.C.T., *et al.* (2014). **Ordem Perciformes.** In **Catalogo dos estágios iniciais de desenvolvimento dos peixes da bacia de Campos [online].** Curitiba:

Sociedade Brasileira de Zoologia, pp. 180- 265. Zoologia: guias e manuais de identificação series. ISBN 978-85-98203-10-2. Available from SciELO Books.

BORNATOWSKI, H; ABILHOA, V; BROGIM, R. A. (2004). **Alimentação do linguado *Etropus crossotus* (Pleuronectiformes, Paralichthyidae) em um banco areno-lodoso na Ilha do Mel, Paraná, Brasil.** Estudos de Biologia, [S.l.], v. 26, n. 57, nov. ISSN 1980-590X.

BOVCON, N.D.; COCHIA, P.D. (2007). **Guia para el reconocimiento de peces capturados por buques pesqueros monitoreados con observadores a bordo.** Rawson: Publicacion especial de la Secretaria de Pesca de la Provincia del Chubut.

BOWEN, B. W.; BASS, A. L.; ROCHA, L. A.; GRANT, W. S.; ROBERTSON, D. R. (2001). **Phylogeography of the trumpetfishes (*Aulostomus*): ring species complex on a global scale.** Evolution 55: 1029–1039.

BOWEN, B.W., ROCHA, L.A., TOONEN, R.J., KARL, S.A., (2013). **The origins of tropical marine biodiversity.** Trends Ecol. Evol. 28, 359–366. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2013.01.018>

BOX, A.; DEUDERO, S.; BLANCO, A.; GRAU, A.M.; RIERA, F. (2010). **Differences in $\delta^{13}\text{C}$ & $\delta^{15}\text{N}$ stable isotopes in the pearly razorfish *Xyrichtys novacula* related to the sex, location and spawning period.** Journal of Fish Biology 76, 2370–2381.

BRASIL, MINISTÉRIO DO MEIO AMBIENTE. (2000). **“Convenção sobre Diversidade Biológica – Conferência para Adoção do Texto Acordado da CDB – Ato final de Nairobi”.** Brasília. 60p.

BUONACCORSI, V. P.; MCDOWELL, J. R.; GRAVES, J. E. (2001). **Reconciling patterns of inter-ocean molecular variance from four classes of molecular markers in blue marlin (*Makaira nigricans*).** Mol. Ecol. 10: 1179–1196.

CANEL, D. LEVY, E.; SOARES, I. A., BRAICOVICH, P. E.; HAIMOVICI, M.; LUQUE, J. L., TIMI, J.T. (2019). **Stocks and migrations of the demersal fish *Umbrina canosai* (Sciaenidae) endemic from the subtropical and temperate Southwestern Atlantic revealed by its parasites.** Fisheries Research, 214, 10–18. doi:10.1016/j.fishres.2019.02.001

CAMARGO, M.; ISAAC, V. (2001). **Os peixes estuarinos da região norte do Brasil: lista de espécies e considerações sobre sua distribuição geográfica.** Boletim Museu Paraense Emílio Goeldi, série Zoologia, v. 17, n. 2, p. 133-157.

- CAMPBELL, M. A., CHANET, B., CHEN, J., LEE, M., & CHEN, W. (2019). **Origins and relationships of the Pleuronectoidei: Molecular and morphological analysis of living and fossil taxa**. *Zoologica Scripta*, 48(5), 640-656.
- CARPENTER, K.E. (ed.) (2002). **The living marine resources of the western central Atlantic. Vol. 2: Bony fishes part 1 (Acipenseridae to Grammatidae), sea turtles and marine mammals**. FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes and Amer. Soc. Ichthyol. Herpetol. Spec. Publ. 5. FAO, Rome; p. 1116–1134.
- CARPENTER, K.E. (ed.) (2002). **The living marine resources of the Western Central Atlantic. Volume 3: Bony fishes part 2 (Opistognathidae to Molidae), sea turtles and marine mammals**. FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes and American Society of Ichthyologists and Herpetologists Special Publication. 5. FAO, Rome; p. 1375-2127.
- CARVALHO, M. R.; SOARES, L. S. H. (2006). **Diel feeding pattern and diet of rough scad *Trachurus lathami* Nichols, 1920 (Carangidae) from the Southwestern Atlantic**. *Neotrop. ichthyol.*, Porto Alegre , v. 4, n. 4, p. 419-426.
- CERQUEIRA, N. N. C. D. (2018). **Análise comparativa da composição genética de exemplares da fauna de peixes marinho-estuarinos encontrados na costa do Brasil**. Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Genética) do Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – UNESP. 85p.
- CERVIGÓN, F. (1980). **Ictiología marina**. Vol. I. Editorial Arte, Caracas. 358 p.
- CERVIGÓN, F. (1992). **Guía de campo de las especies comerciales marinas y de aguas salobres de la costa septentrional de Sur América**.
- CERVIGÓN, F. (1993). **Los peces marinos de Venezuela Volumen II**. Segunda edición. Fund. Cien. Los Roques. Monografía 12, Venezuela. 502 p.
- CHEUNG, W.L.; WATSON, R.; PAULY, D. (2013). **Signature of ocean warming in global fisheries catch**. *Nature* 497:365-368.
- COLLAÇO, F, L.; SARTOR, S, M.; BARBIERI, E. (2015). **Cultivo de Bijupirá (*Rachycentron canadum*) em Cananeia, SP, Brasil: Avaliação da viabilidade utilizando geoprocessamento**. *Revista de Gestão Costeira Integrada*, 15(2), 277-289. <https://dx.doi.org/10.5894/rgci538>
- COLLETTE, B.B.; CHAO, L.N. (1975). **Systematica and morphology of the bonitos (*Sarda*) and their relatives (*Scombridae*, *sardini*)**. *Fish. Bull.* 73, 515–625.

- COLLETTE, B. B.; NAUEN, C. E. (1983). **FAO Species Catalogue. Vol. 2. Scombrids of the world. An annotated and illustrated catalogue of tunas, mackerels, bonitos and related species known to date.** Rome: FAO. FAO Fish. Synop. 125(2):137 p.
- COLLETTE, B. B.; REEB, C.; BLOCK, B. A. (2001). **Systematics of the tunas and mackerels (Scombridae).** Tuna: Physiology, Ecology, and Evolution, 1–33. doi:10.1016/s1546-5098(01)19002-3
- COLLETTE, B.B.; BEMIS, K.E. (2019). **Family Belonidae.** In: Bruce, B.; Collette, B.B.; Thomas J.N. (Eds.) *Fishes of the Western North Atlantic*, Part Ten. **Order Beloniformes. Needlefishes, Sauries, Halfbeaks, and Flyingfishes, Belonidae, Scomberesocidae, Hemiramphidae, Exocoetidae.** Memoir Sears Foundation for Marine Research, n I. Peabody Museum of Natural History. New Haven: Yale University.
- COUSSEAU, M. B.; PERROTTA, R. G. (2013). **Peces marinos de Argentina: biología, distribución, pesca.** Mar del Plata: INIDEP.
- COUSSEAU, M.B., PERROTTA, R.G., (2013). **Peces marinos de Argentina: biología, distribución, pesca, fourth ed.** Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero, Mar del Plata.
- COUTO, E. C. G.; DA SILVEIRA, F. L.; ROCHA, G. R. A. (2003). **Marine biodiversity in Brazil: the current status/ Biodiversidad marina en brasil: estado actual del conocimiento.** Gayana 67(2):327-340.
- CRESSEY, R. F.; LACHNER, E. A. (1970). **The parasitic copepod diet and life history of diskfishes (Echeneidae).** Copeia, 2: 310–318.
- CUNHA, L.P.R. (1987). **Importância da zona de arrebenção de praias para o desenvolvimento dos juvenis de Trachinotus (Pisces, Carangidae): aspectos da bioecologia e distribuição geográfica do gênero, com ênfase às espécies que ocorrem no litoral sul/sudeste do Brasil e no Atlântico ocidental.** Tese de Doutorado em Ciências, Instituto de Biociências, USP, São Paulo.
- DARRACOTT, A. (1977). **Availability, morphometrics, feeding and breeding activity in a multi-species, demersal fish stock of the western Indian Ocean.** J. Fish. Biol. 10(1):1-16.
- DAS, M. K.; MOHAPATRA, A.; RAJENDAR, K. R.; BHASKAR, R. (2020). **A new species *Ophichthus chennaiensis* sp. nov. (Anguilliformes: Ophichthidae) from the southeast coast of India.** Zootaxa 4895 (no. 2): 291-296.
- DRUMMOND, A.; RAMBAUT, A. (2009). **BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees.** BMC Evol Biol., 8(7): 214.

- DURAND, J. D.; COLLET, A.; CHOW, S.; GUINAND, B.; BORSA, P. (2005). **Nuclear and mitochondrial DNA markers indicate unidirectional gene flow of Indo-Pacific to Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*) populations, and their admixture off southern Africa.** Mar. Biol. 147: 313–322.
- EDGAR, R. C. (2004). **MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput.** Nucleic Acids Research, Volume 32, Issue 5, Pages 1792–1797, <https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- FARFÁN L. E.; ACERO P. A.; GRIJALBA-BENDECK, M. (2009). **Presencia de Remorina albescens (Perciformes: Echeneidae) en el Caribe Colombiano, incluyendo una clave de identificación para las especies de la familia en Colombia.** Bol. Invest. Mar. Cost. [Internet].
- FIGUEIREDO, J. L.; SANTOS, A. P.; YAMAGUTI, N.; BERNARDES, R. A.; ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C. L. D. B. (2002). **Peixes da zona econômica exclusiva da Região Sudeste-Sul do Brasil: Levantamento com Rede de Meia-Água.** São-Paulo: Editora da Universidade de São Paulo; Imprensa Oficial do Estado, 242 p.
- FIGUEROA, D. E., MACCHI, G., & HAIMOVICI, M. (2009). **News about the reproductive ecology of the southern conger eel *Conger orbignianus*.** *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 90(03), 461. doi:10.1017/s0025315409991135
- FISCHER, W.; BIANCHI, G.; SCOTT, W.B. (eds.) (1981). **FAO species identification sheets for fishery purposes. Eastern Central Atlantic; fishing areas 34, 47 (in part).** Canada Funds-in-Trust. Ottawa, Department of Fisheries and Oceans Canada, by arrangement with the Food and Agriculture Organization of the United Nations, vols. 1-7:pag.
- FISCHER, L.C. *et al.* (2004). **Peixes estuarinos e costeiros.** Rio Grande: Ecoscientia. 127p.
- FRICKE, R.; ESCHMEYER, W. N.; VAN DER LAAN, R. (eds). (2021). **Eschmeyer's catalog of fishes: genera, species, references.** (<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>).
- FROESE, R; PAULY, D. (eds) (1996). **Scombridae.** FishBase. World Wide Web electronic publication. <www.fishbase.org>
- FROESE, R.; PAULY, D. Editors. (2020). **FishBase.** World Wide Web electronic publication. <www.fishbase.org>

- GADIG, O. B. F.; ROSA, R. S. (1996). **Occurrence of the white shark along the Brazilian coast.** In: KLIMLEY, A. P.; AILEY, D. G. (Eds). Great white sharks: The biology of *Carcharodon carcharias*. San Diego, Academic Press, XI+517p.
- GARCÍA, A. B.; ACERO, A.; SILVA, C. P.; BENDECK, M. G. (2008). **Confirmatio of the ocurrence of *Ophichthus cylindroideus* (RANZANI) (ANGULLIFORMES: OPHICHTHIDAE) in the Colombian Caribbean.** *Boletín de Investigaciones Marinas y Costeras*, 37(2).
- GARCIA J. R. J.; MENDES, L. F.; SAMPAIO, C. L. S.; LINS, J. E. (2010). **Biodiversidade Marinha da Bacia Potiguar: Ictiofauna.** Museu Nacional: Rio de Janeiro. p. 195p.
- GIBBS, M. et al. (1999). **The taxonomic richness of South Africa's marine fauna: a crisis at hand.** *South African Journal of Science*, n. 95, p. 8-12, 1999.
- HAIMOVICI, M.; COUSIN, J. C. B. (1989). **Reproductive biology of the castanha *Umbrina canosai* (Pisces, Sciaenidae) in Southern Brazil.** *Rev. Bras. Biol.* 49, 523–537.
- GRAVES, J. E.; MCDOWELL, J. R. (1995). **Inter-ocean genetic divergence of istiophorid billfishes.** *Mar. Biol.* 122: 193–203.
- GRAVES, J. E.; MCDOWELL, J. R. (2003). **Population structure of the world's billfishes: a genetic perspective.** *Mar. Freshw. Res.* 54: 287–298.
- GRAY, K. N., MCDOWELL, J. R., COLLETTE, B. B.; GRAVES, J. E. (2009). **An investigation of the global population structure of the marlinsucker (*Remora osteochir*) inferred from mitochondrial control region DNA sequence analysis.** *Bulletin of Marine Science*, 84(1), pp.25-42.
- GUIMARÃES, E. C.; DE BRITO, P. S.; FEITOSA, L. M.; CARBALHO-COSTA, L. F.; OTTONI, F. P. (2018). **A new species of *Hyphessobrycon* Durbin from northeastern Brazil: evidence from morphological data and DNA barcoding (Characiformes, Characidae).** *ZooKeys*, 765:79-101.
- HAIMOVICI, M.; ABSALONSEN, L.; VELASCO, G.; MIRANDA, L. V. (2006). **Diagnóstico do estoque e orientações para o ordenamento da pesca de *Umbrina canosai* (Berg, 1895).** In: Rossi-Wongtschowski, C. L. D. B.; Ávila-da-Silva, A. O.; Cergole, M. C. (Ed.) *Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: Dinâmica Populacional das Espécies em Exploração – II.* São Paulo: USP, p. 77-85.

- HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; DEWAARD, J. R. (2003a) **Biological identifications through DNA barcodes**. Proc. R. Soc. Lond. B, v. 270, p. 313-321.
- HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DEWAARD, J. R. (2003b). **Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species**. Proc. R. Soc. Lond. B, v. 270 (Suppl.), p. S96-S99.
- HEBERT, P. D. N.; PENTON, E. H.; BURNS, J. M.; *et al.* (2004). **Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator***. Proc Natl Acad Sci U S A. n.101, p. 14812-14817.
- HELMER, J. L.; TEIXEIRA, R. L.; MONTEIRO-NETO, C. (1995). **Food habits of Young *Trachinotus* (PISCES, CARANGIDAE) in the inner surf-zone of a sandy beach in southeast Brazil**. Atlântica, Rio Grande, v.17, p.95-107
- INOUE, J.G.; MIYA, M.; MILLER, M. J.; SADO, T.; HANEL, R.; HATOOKA, K.; AOYAMA, J.; MINEGISHI, Y.; NISHIDA, M.; TSUKAMOTO, K. (2010). **Deep-ocean origin of the freshwater eels**. Biol. Lett. 6 (3) 363–366.
- IVANOVA, N. V., DEWAARD, J. R., & HEBERT, P. D. (2006). **An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA**. Molecular ecology notes, 6(4), 998-1002.
- JERDE, C. L.; MAHON, A. R.; CHADDERTON, W. L.; LODGE, D. M. (2011). **“Sight-unseen” detection of rare aquatic species using environmental DNA**. Conservation Letters 4. p.150–157.
- JOLY, C. A. *et al.* (2011). **Diagnóstico da pesquisa em biodiversidade no Brasil**. Rev. USP, São Paulo, n. 89.
- JOHNSON, G. D. (1980). **The limits and relationships of the Lutjanidae and associated families**. Bulletin of the Scripps Institution of Oceanography, 24:1–114.
- KARAIKOU N.; APOSTOLIDIS A. P.; TRIANTAFYLIDIS, A.; KOUVATSI, A.; TRIANTAPHYLIDIS, C. (2003). **Genetic identification and phylogeny of three species of the genus *Trachurus* based on mitochondrial DNA analysis**. Mar Biotech 5(5): 493– 504.
- KATSANEVAKIS, S. (2005). **Habitat use by the pearly razorfish, *Xyrichtys novacula* (Pisces: Labridae)**. Scientia Marina, 69(2), 223–229. <https://doi.org/10.3989/scimar.2005.69n2223>
- KEARSE, M., MOIR, R., WILSON, A., STONES-HAVAS, S., CHEUNG, M., STURROCK, S., BUXTON, S., COOPER, A., MARKOWITZ, S., DURAN, C. AND

- THIERER, T. (2012). **Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data**. *Bioinformatics*, 28(12), pp.1647-1649.
- KÖHLER, F. (2007). **From DNA taxonomy to barcoding - how a vague idea evolved into abiosystematic tool**. *ZoolReihe*, 83:44-51.
- LANA, P.C. (2003). **O valor da biodiversidade e o impasse taxonômico: a diversidade marinha como estudo de caso**. *Desenvolvimento e Meio Ambiente*, n. 8, p. 97.
- LESSIOS, H.A., ROBERTSON, D.R., (2006). **Crossing the impassable: Genetic connections in 20 reef fishes across the eastern Pacific barrier**. *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 273, 2201–2208. <https://doi.org/10.1098/rspb.2006.3543>
- LEWALLEN, E.A., PITMAN, R.L., KJARTANSON, S.L., LOVEJOY, N.R. (2011). **Molecular systematics of flyingfishes (Teleostei: Exocoetidae): evolution in the epipelagic zone**. *Biological Journal of the Linnean Society*, Volume 102, Issue 1, Pages 161–174.
- LEWINSOHN, T. M.; PRADO, P. I. (2005). **How many species are there in Brazil?** *Conservation Biology* 19(3): 619-624.
- LEWALLEN, E. A., PITMAN, R. L., KJARTANSON, S. L., LOVEJOY, N. R. (2011). **Molecular systematics of flyingfishes (Teleostei: Exocoetidae): evolution in the epipelagic zone**. *Biological Journal of the Linnean Society*, 102(1), 161–174.
- LIAO, J.C. (2002). **Swimming in needlefish (Belonidae): anguilliform locomotion with fins**. *Journal of Experimental Biology*, 205: 2875-2884.
- LIN, P.L.; SHAO, K.T. (1999). **A review of the carangid fishes (Family Carangidae) from Taiwan with descriptions of four new records**. *Zool. Stud.* 38: 33-68.
- LINDEMAN, K.; TOXEY, C. (2002). **Haemulidae**, In: Carpenter, K. E. (Ed) *FAO Species Identification. Guide for fishery Purposes The living Marine Resources of the Western Central Atlantic*. Food and Agriculture Organization of the United nations, Rome 1522-1550.
- LÜ, Z.; ZHU, K.; JIANG, H.; LU, X.; LIU, B.; YE, Y.; GONG, L. (2019). **Complete mitochondrial genome of *Ophichthus brevicaudatus* reveals novel gene order and phylogenetic relationships of Anguilliformes**. *International Journal of Biological Macromolecules*. doi:10.1016/j.ijbiomac
- MA, H., MA, C., ZHANG, X., FENG, C., ZHANG, Y., ZHANG, H., & MA, L. (2015). **The first complete mitochondrial genome sequence of *Uraspis secunda***

- (Perciformes: Carangidae) and its phylogenetic relationship.** Mitochondrial DNA Part A, 28(1), 87–88. doi:10.3109/19401736.2015.1110811
- MAGNUSON, J.J. (1979) **Locomotion by scombrid fishes: hydromechanics, morphology, and behavior.** In: Hoar WS, Randall DJ, editors. Fish physiology. London: Academic Press. 239–313
- MARCENIUK, A. P.; BETANCUR-R, R. (2008). **Revision of the species of the genus *Cathorops* (Siluriformes: Ariidae) from Mesoamerica and the Central American Caribbean, with description of three new species.** Neotropical Ichthyology, v. 6, n. 1, p. 25–44.
- MARCENIUK, A. P.; BETANCUR-R, R.; MURIEL-CUNHA, J. (2012). **Review of the genus *Cathorops* (Siluriformes: Ariidae) from the Caribbean and Atlantic South America, with description of a new species.** Copeia, v. 2012, n. 1, p. 77–97.
- MARCENIUK, A. P.; CAIRES, R.; SICCHA-RAMIREZ, R.; OLIVEIRA, C. (2016). **Review of the harvestfishes, genus *Peprilus* (Perciformes: Stromateidae), of the Atlantic coast of South America.** Zootaxa, v. 4098, n. 2, p. 311–332.
- MARTINEZ, P.; GONZALEZ, E. G.; CASTILHO, R.; ZARDOYA, R. (2006). **Genetic diversity and historical demography of Atlantic bigeye tuna (*Thunnus obesus*).** Mol. Phyl. Evol. 39: 404–416.
- MCCOSKE, J. E. (2002). **Family Ophichthidae.** In: Carpenter, K.E. (ed.) **The living marine resources of the Western Central Atlantic.** Volume 2: Bony fishes part 1 (Acipenseridae to Grammatidae). FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes and American Society of Ichthyologists and Herpetologists Special Publication No. 5. Rome, FAO. pp. 601-1374.
- MCCOSKER, J.; IDE, S.; ENDO, H. (2012). **Three new species of ophichthid eels (Anguilliformes: Ophichthidae) from Japan.** Bulletin of the National Museum of Nature and Science, Series A (Zoology). 6. 1-16.
- MCDOWELL, J. R. (2002). **Genetic stock structure of the sailfish, based on nuclear and mitochondrial DNA.** Ph.D. Diss. College of William and Mary: Virginia Institute of Marine Science. Gloucester Point, VA. 231 p.
- MEIKLEJOHN, K. A.; DAMASO, N.; ROBERTSON, J. M. (2019). **Assessment of BOLD and GenBank—their accuracy and reliability for the identification of biological materials.** PLoS One. 14 (6):e0217084. doi:10.1371/journal.pone.0217084.

- MENEZES, N. A.; FIGUEIREDO, J. L. (1980). **Manual de peixes marinhos do Sudeste do Brasil. IV. Teleostei (3)**. Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo. São Paulo. 96 p
- MENEZES, N.A.; BUCKUP, P.A.; FIGUEIREDO, J.L. & MOURA, R.L. (2003). **Catálogo das espécies de peixes marinhos do Brasil**. Universidade de São Paulo, São Paulo, 159p.
- MISSIMER, T.M.; HEGY, M. (2018). **Bioturbation of intertidal sediments by the spotted spoon-nosed eel, *Echiophis intertinctus* (Richardson), Estero Bay, southwest Florida**. *Florida Scientist*, 81(2-3), 100-103.
- NASH, W. G.; WIENBERG, J.; FERGUSON-SMITH, M. A.; MENNINGER, J. C.; O'BRIEN, S. J. (1998). **Comparative genomics: Tracking chromosome evolution in the family Ursidae using reciprocal chromosome painting**. *Cytogenet. Cell Genet.* 83:182-192.
- NEAR, T. J.; EYTAN, R. I.; DORNBURG, A.; KUHN, K. L.; MOORE, J. A.; DAVIS, M. P.; WAINWRIGHT, P. C.; FRIEDMAN, M.; SMITH, W. L. (2012). **Resolution of ray-finned fish phylogeny and timing of diversification**. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(34), 13698–13703. doi:10.1073/pnas.1206625109
- NELSON, J. S. (1984). **Fishes of the world**. John Wiley & Sons, New York, 2nd ed.
- NETO, D. A. P. (2013). **Deteção de adulteração de espécies em pescado e derivados por meio da técnica de DNA Barcoding**. Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais, 43p.
- NION, H.; MARÍN, Y.H.; MENESES, P.; PUIG, P. (2013). **Distribución batimétrica de la familia Sciaenidae (Perciformes) en el Atlántico Sudoccidental y consideraciones sobre las pesquerías de los peces de esta familia**. *Fr. Mar.* 23, 105–132.
- O'TOOLE, B. (2002). **Phylogeny of the species of the superfamily Echeneoidea (Perciformes: Carangoidei: Echeneidae, Rachycentridae, and Coryphaenidae), with an interpretation of echeneid hitchhiking behaviour**. 80(4), 596–623. doi:10.1139/z02-031
- OSÓRIO, F. M.; MARINHO, R. A.; LOTUFO, T. M. C.; FURTADO-NETO, M. A. A. (2005). **First record of *Pomadasys ramosus* Poey, 1860 (Perciformes: Haemulidae) for Ceará State, Brazil**. *Arquivos de Ciência do Mar*. 38: 127–12

- PARENTI, P.; RANDALL, J. E. (2000). **An annotated checklist of the species of the Labroid fish families Labridae and Scaridae**. JLBSI Ichthyol Bull 68: 1–97.
- PARENTI, P. **An annotated checklist of fishes of the family Sciaenidae**. JAD. 2020; 2 (1) :1-92 URL: <http://jad.lu.ac.ir/article-1-49-en.html>
- PARIN, N. V. (1961). **Principles of classification of flying fishes (Oxyporhamphidae and Exocoetidae)**. Trudy Instituta Fiziologii, Akademiia Nauk Gruzinskoi SSR 43: 92–183. [In Russian, Systematics Lab. Translation No. 67].
- PAVLISKO, A.; RIAL, A.; DE VECCHI, S.; COPPES, Z. (1997). **Properties of pepsin and trypsin isolated from the digestive tract of *Parona signata* “palometa”**. Journal of Food Biochemistry, 21: 289-308. <https://doi.org/10.1111/j.1745-4514.1997.tb00210.x>
- PEETERS, F. J. C.; ACHESON, R.; BRUMMER, G-J. A.; RUIJTER, W. P. M.; SCHNEIDER, R. R.; G. GANSEN, G. M.; UFKES, E.; KROON, D. (2004). **Vigorous exchange between the Indian and Atlantic oceans at the end of the past five glacial periods**. Nature 430: 661–665.
- POSADA D.; CRANDALL K. A. (1998). **MODELTEST: testing the model of DNA substitution**. Bioinformatics, 14: 817–818.
- PSOMADAKIS, P.N.; THEIN, H.; RUSSELL, B.C.; TUN M. T. (2019). **Field identification guide to the living marine resources of Myanmar**. FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes. Rome, FAO and MOALI.
- PULLANDRE, N.; LAMBERT, A.; BROUILLET, S.; ACHAZ, G. (2012). **ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation**. *Molecular ecology*, 21(8), 1864–1877. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x>
- RAMBAUT, A.; SUCHARD, M.; XIE, D.; DRUMMOND, A. (2014). **Tracer | BEAST**. Retrieved from <<http://beast.bio.ed.ac.uk/tracer>>.
- RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. (2007). **BOLD: The barcode of life data system www.barcodinglife.org**. Molecular Ecology Notes, n. 7, p. 355–364.
- REED, D. L.; CARPENTER, K. E.; DEGRAVELLE M. J. (2002). **Molecular systematics of the Jacks (Perciformes: Carangidae) based on mitochondrial cytochrome *b* sequences using parsimony, likelihood, and Bayesian approaches** Mol. Phylogenet. Evol. 23 pp. 513-524
- REY, C. I.; ACERO, P. A. (2016). **Primer registro de albinismo em la familia Muraenesocidae (PISCES: ANGUILLIFORMES), Cynoponticus savanna (BANCROFT)**. Bol. Investig. Mar. Costeras [Internet].

- RIEDE, K. (2004). **Global register of migratory species – From global to regional scales**. Final report of the R & D-project. Bonn, Germany: Federal Agency for Nature Conservation. p 329
- ROCHA, L. A.; ROBERTSON, D. R.; ROCHA, C. R.; VAN TASSELL, J. L.; CRAIG, M. T.; BOWENS, B. W. (2005). **Recent invasion of the tropical Atlantic by an Indo-Pacific coral reef fish**. *Mol. Ecol.* 14: 3921–3928.
- ROSA, R. S.; MENEZES, N. A. (1996). **Relação preliminar das espécies de peixes (Pisces, Eslamobranchii, Actinopterygii) ameaçadas no Brasil**. *Revta bras. Zool.* 13 (3): 647 – 667.
- ROXO F. F, ZAWADZKI C. H, ALEXANDROU M. A, COSTA SILVA G. J, CHIACHIO M. C, FORESTI F., OLIVEIRA C. (2012). **Evolutionary and biogeographic history of the subfamily Neoplecostominae (Siluriformes: Loricariidae)**. *Ecol. Evol.*; 2(10):2438-2449.
- SACCARDO, S. A. (1980). **Biologia e bionomia de Trachurus lathami Nichols, 1920 (Teleostei: Carangidae) na plataforma continental brasileira entre 23o S (RJ) e 30o (RS)**. Ph.D. Thesis. Sao Paulo: Universidade de Sao Paulo, Instituto Oceanografico, 158 pp.
- SACCARDO, S. A. (1987). **Morfologia, distribuição e abundância de Trachurus lathami Nichols, 1920 (Teleostei: Carangidae) na região sudeste-sul do Brasil**. *Bolm Institute Oceanogr. S. Paulo* 35, 65–95.
- SACCARDO, S. A.; KATSURAGAWA, M. (1995) **Biology of rough scad Trachurus lathami, on the south-eastern coast of Brazil**. *Sci. Mar.* 59, 265–277.
- SAITOU, N.; NEI, M. (1987). **The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees.**, *Molecular Biology and Evolution*, Volume 4, Issue 4, Pages 406–425, <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- SANCHES, E. G.; TOSTA, GITONILSON, A. M.; SOUZA-FILHO, J. J. (2018). **Economic feasibility of cobia juvenile production (Rachycentron canadum)**. *Boletim do Instituto de Pesca*, [S.l.], v. 39, n. 1, p. 15-26. ISSN 1678-2305.
- SANT'ANNA, V.B. (2011). **Filogenia dos peixes-agulha da família Belonidae (Atherinomorphae: Beloniformes)**. Tese de Doutorado apresentada ao Programa de Pós Graduação em Zoologia da Faculdade de Biociências – PUC/RS. 280 p.
- SANTINI, F.; KONG, X.; SORENSON, L.; CARNEVALE, G.; MEHTA, R. S.; ALFARO, M. E. (2013). **A multi-locus molecular timescale for the origin and**

diversification of eels (Order: Anguilliformes). Mol. Phylogenet. Evol. 69 (3) 884–894.

SANTOS, S.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I. (2003). **Genetic differentiation of *Macrodon ancylodon* (Sciaenidae, Perciformes) populations in Atlantic coastal waters of South America as revealed by mtDNA analysis.** Ge net. Mol. Biol., v. 26, p. 151-161.

SANTOS, S.; GOMES, M.D.F.; FERREIRA, A.R.D.S.; SAMPAIO, I.; SCHNEIDER, H. (2013). **Molecular phylogeny of the western South Atlantic Sciaenidae based on mitochondrial and nuclear data.** Mol Phylogenet Evol.; 66(1):423-428. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2012.09.020>

SANTOS NETO, J. G. (2015). "**Caracterização da pesca de camboa no estuário do rio serinhaém, igrapiúna–bahia.**"

SILVA, J. D. B. (2018). **Ecologia trófica e distribuição espaço-temporal das espécies *Pomadasys Ramosus* (Poey, 1860) e *Haemulopsis corvinaeformis* (Steindachner, 1868) (Haemulidae) ao longo do gradiente de variação no estuário do Rio Goiana (PE/PB).** Dissertação de Mestrado. – UFPE.

SCHELTEMA, R. (1996). **Describing diversity. Too many species, too few taxonomists.** Oceanus, V. 39, n. 1, p. 16-18.

SHAFFER, R. V.; NAKAMURA, E. L. (1989) **Synopsis of biological data on the cobia, *Rachycentron canadum* (Pisces: Rachycentridae).** NOAA. Tech. Rep. NMFS. 82. Food and Agriculture Organisation of the United Nations Fisheries Synopsis 153, U.S. Department of Commerce, Springfield, Virginia, 21 pp.

SHIRKE, S. S.; MUSALIYARAKAM, N.; VARGHESE, P.; HATHA, M.; SUKHAM, M. D.; LAKSHMANAPERUMA, R. L. (2020). **Novel records of three remoras from Andaman and Nicobar waters, India.** FishTaxa v. 18: 30-38. 2021.

SMITH, D.G. (1989). **Family Muraenesocidae.** In **Fishes of the Western North Atlantic**, edited by E. B. Böhlke. Mem. Sears Found. Mar. Res., 1(9):432-440.

SMITH, P. J.; MCVEAGH, S. M.; STEINKE, D. (2008). **DNA barcoding for the identification of smoked fish products.** *J Fish Biol.* v.72, p.464-471.

SMITH-VANIZ, W.F. (1986). **Carangidae.** In: Smith MM, Heemstra PC, editors. **Smiths' sea fishes.** Berlin: Springer-Verlag. p 638–661.

SMITH-VANIZ, W. F.; STAIGER, J. C. (1973). **Comparative revision of *Scomberoides*, *Oligoplites*, *Parona*, and *Hypacanthus* with comments on the**

- phylogenetic position of Campogramma (Pisces, Carangidae).** Proceedings of the California Academy of Sciences, Series 4, 39 (13), 185–256.
- STRASBURG, D.W. (1959). **Notes on the diet and correlating structures of some central pacific echeneid fishes.** Copeia 1959:244-248.
- STRASBURG, D.W. (1962). **Some aspects of the feeding behavior of *Remora remora*.** Pac. Sci. 16:202-206.
- TADMOR-LEVI, R.; DAVID, L.; GOLANI, D. (2020). **Indication of cryptic taxa within the flat needlefish, *Ablennes hians* based on analysis of the cytochrome oxidase I region on a wide range of samples.** Mar. Biol. Res., 16 (6-7), 474-479. doi: 10.1080/17451000.2020.1834117.
- TAMURA, K. (1992). **Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G + C- content biases.** Molecular Biology and Evolution 9:678-687.
- 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.
- TAMURA, K., STECHER, G., PETERSON, D., FILIPSKI, A., & KUMAR, S. (2013). **MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0.** Molecular biology and evolution, 30(12), 2725–2729. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197>
- VALENTINI A.; POMPANON F.; TABERLET P. (2009). **DNA Barcoding for ecologists.** Trends in Ecology & Evolution, 24, 110-117.
- VERMEIJ, G. J.; ROSENBERG, G. G. (1993). **Giving and receiving: the tropical Atlantic as donor and recipient region for invading species.** Am. Mal. Bull. 10: 181–194.
- VIÑAS, J.; BREMER, J. R. A. B.; PLA, C. (2010). **Phylogeography and phylogeny of the epineritic cosmopolitan bonitos of the genus *Sarda* (Cuvier): inferred patterns of intra- and inter-oceanic connectivity derived from nuclear and mitochondrial DNA data.** 37(3), 557–570. doi:10.1111/j.1365-2699.2009.02225.x
- WALPOLE, J. M.; MORGAN-DAVIS, M.; MILLEDGE, S.; BETT, P.; LEADER-WILLIAMS, N. (2001). **Population dynamics and future conservation of a free-ranging black rhinoceros (*Diceros bicornis*) population in Kenya.** Biol. Conserv. 99:237-243.

- WARD, R. D.; ZEMLAK, T. S.; INNES, B. H.; LAST, P. R.; HEBERT, P. D. (2005). **DNA barcode Australia's fish species**. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, v. 360, n. 1462, p. 1847-57, Oct 29.
- WESTNEAT, M.W. (2001). **Family Labridae**. In: **Carpenter & Niem 2001. Species identification guide for fishery purposes**. Bony fishes part 4. vol. 6: 3381–3467, Pls. I–V.
- WESTNEAT, M.W. & M.E. ALFARO. (2005). **Phylogenetic relationships and evolutionary history of the reef fish family Labridae**. Molecular Phylogenetics and Evolution 36: 370–390.
- YAMANOUE, Y; *et al.* (2011). **Multiple invasions into freshwater by pufferfishes (Teleostei: Tetraodontidae): a mitogenomic perspective**. PLoS One, v. 6, n. 2, p. e17410.
- YEO, K. (2016). “**New record of *Uraspis uraspis* and re-description of *Uraspis helvola* (Pisces: Carangidae) from Korea**”, Korean Journal of Ichthyology, vol. 28, no. 1, pp. 57-64.
- ZANETI-PRADO, E. M. (1979). **Bionomia e ciclo de vida de *Umbrina canosai*, Berg (1895)**. Bol. Inst. Oceanogr. São Paulo, v. 28, n. 1, p. 119-164.

9.0 Apêndices

9.1 Apêndice 1 – Classificação e dados de coleta dos indivíduos gerados.

Sample ID	Número do lote	Ordem	Família	Gênero	Espécie	Município/Estado	Data de coleta
85008	22784	Anguilliformes	Congridae	<i>Conger</i>	<i>Conger orbignianus</i>	Guarujá/SP	15/09/2016
90869	25149	Anguilliformes	Congridae	<i>Conger</i>	<i>Conger orbignyanus</i>	São Sebastião/SP	28/09/2017
91879	25177	Anguilliformes	Congridae	<i>Conger</i>	<i>Conger orbignianus</i>	Torres/RS	16/11/2017
91880	25177	Anguilliformes	Congridae	<i>Conger</i>	<i>Conger orbignianus</i>	Torres/RS	16/11/2017
80035	20776	Anguilliformes	Muraenesocidae	<i>Cynoponticus</i>	<i>Cynoponticus savanna</i>	Cananéia/SP	15/05/2015
85022	26314	Anguilliformes	Muraenesocidae	<i>Cynoponticus</i>	<i>Cynoponticus savanna</i>	Bragança/PA	13/01/2017
90175	23809	Anguilliformes	Muraenesocidae	<i>Cynoponticus</i>	<i>Cynoponticus savanna</i>	Valença/BA	08/07/2017
80875	21344	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Echiophis</i>	<i>Echiophis intertinctus</i>	Mongaguá/SP Ilha Queimada	30/09/2015
84795	22762	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Echiophis</i>	<i>Echiophis intertinctus</i>	Grande/SP Ilha Queimada	03/08/2016
84796	22762	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Echiophis</i>	<i>Echiophis intertinctus</i>	Grande/SP	03/08/2016
86510	22771	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Echiophis</i>	<i>Echiophis intertinctus</i>	Itanhaém/SP	06/10/2016
80241	20038	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Ophichthus</i>	<i>Ophichthus cylindroideus</i> <i>Ophichthys</i>	Fortaleza/CE	11/07/2015
90032	23848	Anguilliformes	Ophichthyidae	<i>Ophichthus</i>	<i>cylindroideus</i>	Valença/BA	08/07/2017
89554	23681	Anguilliformes	Ophichthyidae	<i>Ophichthus</i>	<i>Ophichthus ophis</i>	Peruíbe/SP	11/01/2017
93732	26359	Anguilliformes	Ophichthidae	<i>Ophichthus</i>	<i>Ophichthus ophis</i>	Ilha Comprida/SP	05/09/2018
73553	23445	Acanthufiformes	Sciaenidae	<i>Pareques</i>	<i>Pareques acuminatus</i>	Bombinhas/SC	22/05/2016
73565	23445	Acanthufiformes	Sciaenidae	<i>Pareques</i>	<i>Pareques acuminatus</i>	Bombinhas/SC	22/05/2016
80013	23654	Carangiformes	Carangidae	<i>Parona</i>	<i>Parona signata</i>	Barra Velha/SC	07/06/2016
73574	23654	Carangiformes	Carangidae	<i>Parona</i>	<i>Parona signata</i>	Barra Velha/SC	07/06/2016
73575	23654	Carangiformes	Carangidae	<i>Parona</i>	<i>Parona signata</i> <i>Pomadasys</i>	Barra Velha/SC	07/06/2016
80389	20087	Perciformes	Haemulidae	<i>Pomadasys</i>	<i>curvinaeforme</i>	Cananéia/SP	21/01/2015
80017	20791	Perciformes	Haemulidae	<i>Pomadasys</i>	<i>Pomadasys ramosus</i>	Ubatuba/SP	15/05/2015
84493	22134	Carangiformes	Rachycentridae	<i>Rachycentrum</i>	<i>Rachycentrum canadum</i>	Peruíbe/SP	20/05/2016
82246	21727	Carangiformes	Echeneidae	<i>Remora</i>	<i>Remora albescens</i>	Praia Grande/SP	19/02/2016
80009	20792	Carangiformes	Echeneidae	<i>Remora</i>	<i>Remora osteochir</i>	São Sebastião/SP	03/07/2015
73721	23660	Scombriformes	Scombridae	<i>Sarda</i>	<i>Sarda sarda</i>	Barra Velha/SC	10/08/2016
73503	23402	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus marginatus</i>	Balneário Camboriú/SC	09/01/2016
73504	23402	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus marginatus</i>	Balneário Camboriú/SC	09/01/2016
73505	23402	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus marginatus</i>	Balneário Camboriú/SC	09/01/2016
82243	26436	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus marginatus</i>	Ilha Comprida/SP	15/02/2016
82244	26436	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus marginatus</i>	Ilha Comprida/SP	15/02/2016
84312	22969	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus cayennensis</i>	Bragança/PA	25/09/2017
84313	22969	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus cayennensis</i>	Bragança/PA	25/09/2017
82359	21376	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachinotus</i>	<i>Trachinotus cayennensis</i>	Bragança/PA	01/11/2015
91869	25192	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachurus</i>	<i>Trachurus lathami</i>	Torres/RS	16/11/2017
91870	25192	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachurus</i>	<i>Trachurus lathami</i>	Torres/RS	16/11/2017
91871	25192	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachurus</i>	<i>Trachurus lathami</i>	Torres/RS	16/11/2017
91872	25192	Carangiformes	Carangidae	<i>Trachurus</i>	<i>Trachurus lathami</i>	Torres/RS	16/11/2017
91864	25193	Acanthufiformes	Scianidae	<i>Umbrina</i>	<i>Umbrina canosai</i>	Torres/RS	16/11/2017
91865	25193	Acanthufiformes	Scianidae	<i>Umbrina</i>	<i>Umbrina canosai</i>	Torres/RS	16/11/2017
80431	20664	Carangiformes	Carangidae	<i>Uraspis</i>	<i>Uraspis secunda</i>	Itanhém/SP	25/08/2015

81036	20703	Carangiformes	Carangidae	<i>Uraspis</i>	<i>Uraspis secunda</i>	Peruíbe/SP	18/03/2015
81037	20703	Carangiformes	Carangidae	<i>Uraspis</i>	<i>Uraspis secunda</i>	Peruíbe/SP	18/03/2015
81038	20703	Carangiformes	Carangidae	<i>Uraspis</i>	<i>Uraspis secunda</i>	Peruíbe/SP	18/03/2015
81039	20703	Carangiformes	Carangidae	<i>Uraspis</i>	<i>Uraspis secunda</i>	Peruíbe/SP	18/03/2015
83519	21673	Scombriformes	Labridae	<i>Xyrichthys</i>	<i>Xyrichthys novacula</i>	Itanhaém/SP	01/04/2016
83520	21673	Scombriformes	Labridae	<i>Xyrichthys</i>	<i>Xyrichthys novacula</i>	Itanhaém/SP	01/04/2016
83536	21680	Scombriformes	Labridae	<i>Xyrichthys</i>	<i>Xyrichthys novacula</i>	Cananéia/SP	16/04/2016
82565	21436	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Rio de Janeiro/RJ	21/10/2015
35066	8690	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Ubatuba/SP	11/12/2008
35068	8690	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Ubatuba/SP	11/12/2008
21103	3527	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Ubatuba/SP	25/05/2006
21106	3527	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Ubatuba/SP	25/05/2006
35205	8690	Pleuronectiformes	Cyclopsettidae	<i>Etropus</i>	<i>Etropus crossotus</i>	Ubatuba/SP	11/12/2008
84667	22164	Beloniformes	Belonidae	<i>Ablennes</i>	<i>Ablennes hians</i>	São Sebastião/SP	20/06/2016
84668	22164	Beloniformes	Belonidae	<i>Ablennes</i>	<i>Ablennes hians</i>	São Sebastião/SP	20/06/2016
92688	25067	Beloniformes	Exocoetidae	<i>Cheilopogon</i>	<i>Cheilopogon melanurus</i>	São Sebastião/SP	15/01/2017

9.2 Apêndice 2 – Gráficos das análises ABGD

Família Echeiniidae

26/01/2022 23:43

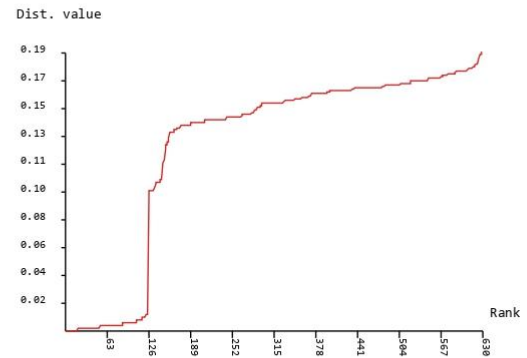
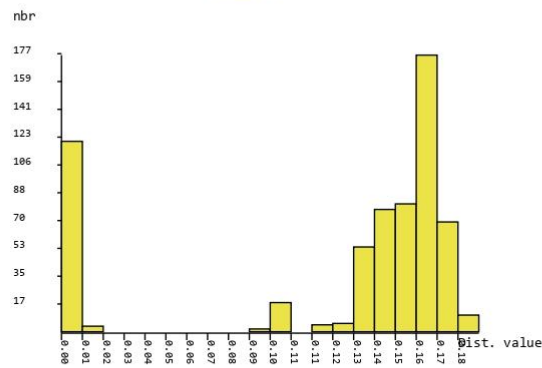
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

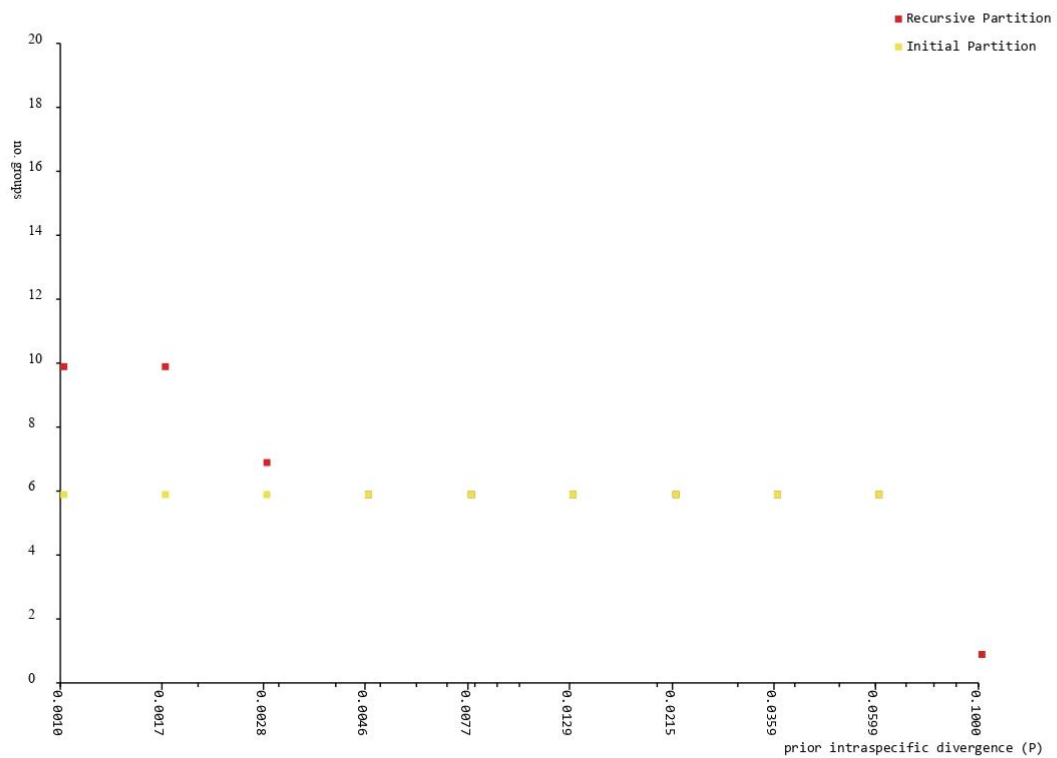
Data: matriz echenidae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Rachycentridae

27/01/2022 00:01

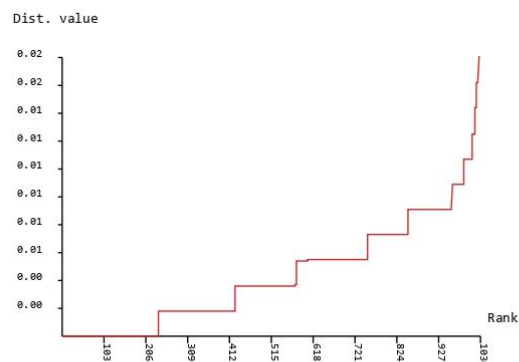
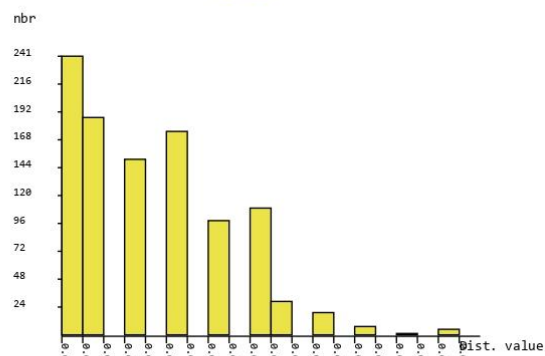
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: matriz rachycentridae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Carangidae

27/01/2022 00:21

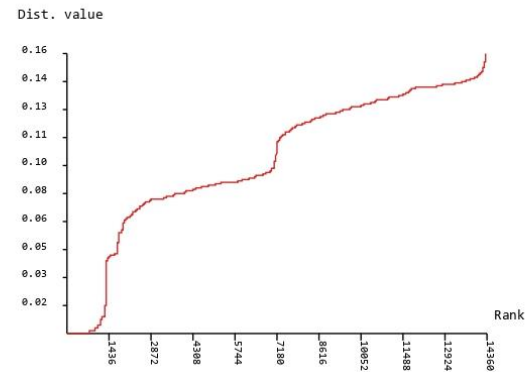
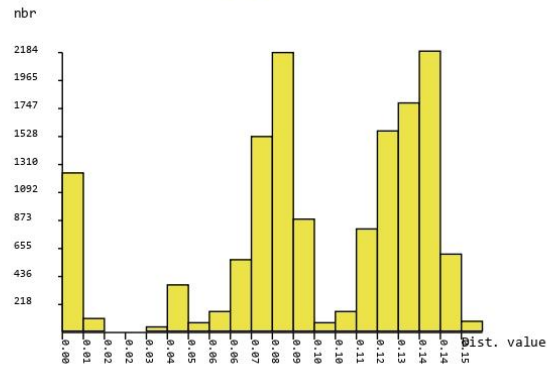
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

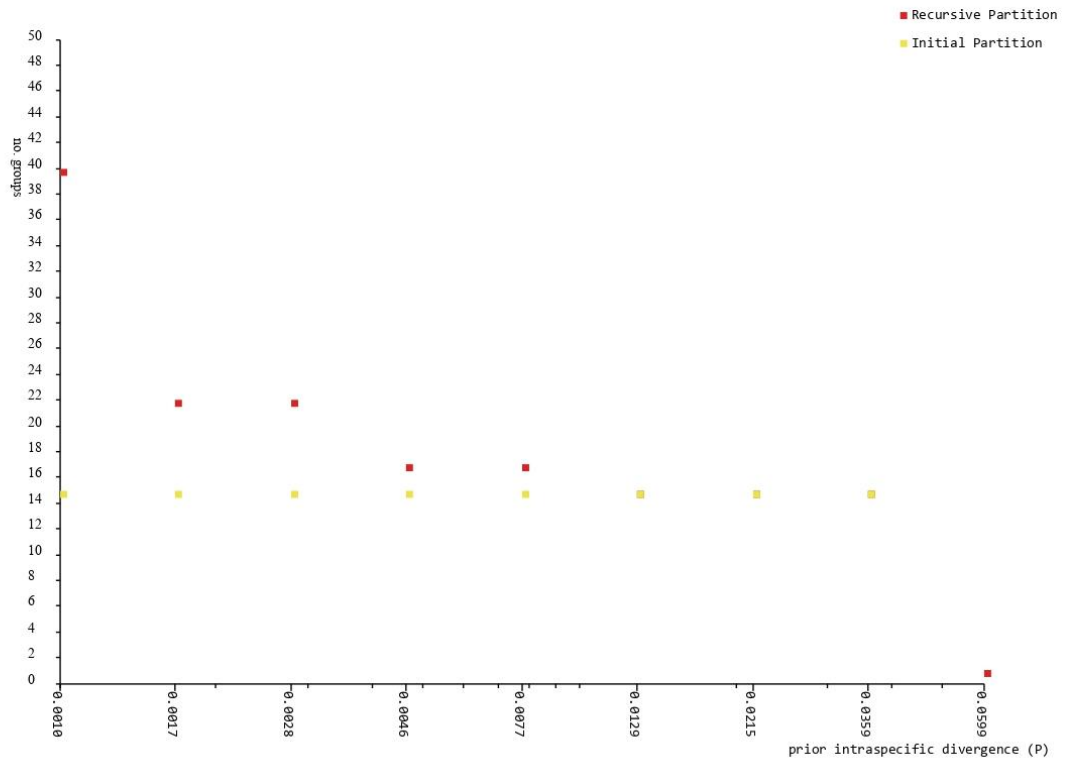
Data: alinhamento trachinotus.fasta

Histogram of distances. [\[save\]](#)

Ranked distances. [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



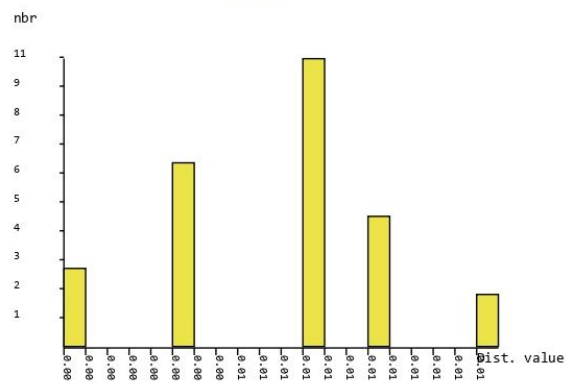
27/01/2022 01:40

abgd web

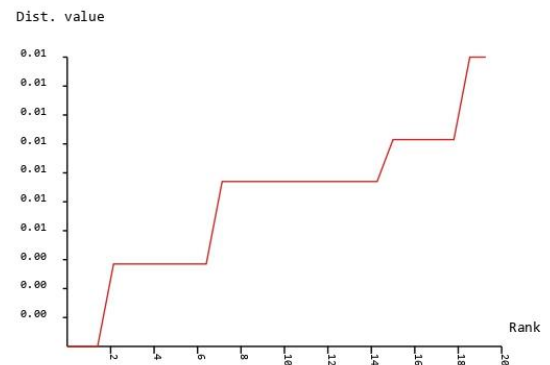
ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: alinhamento parona.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)



Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



27/01/2022 00:27

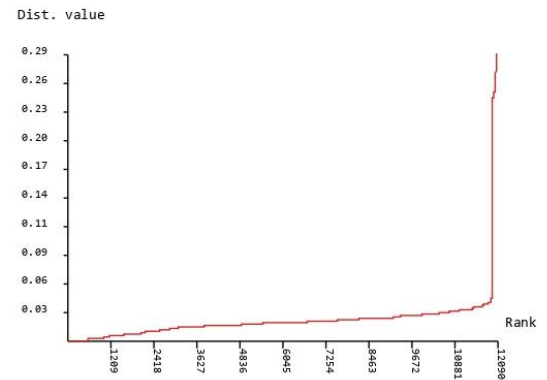
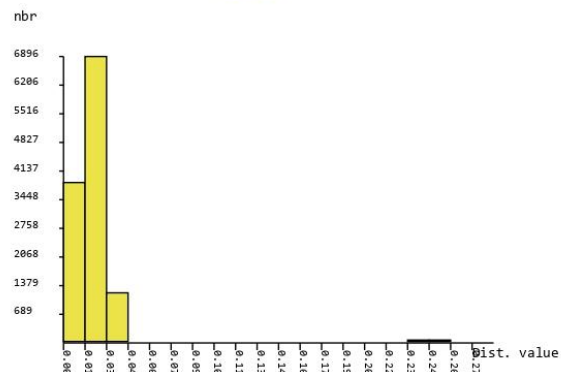
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

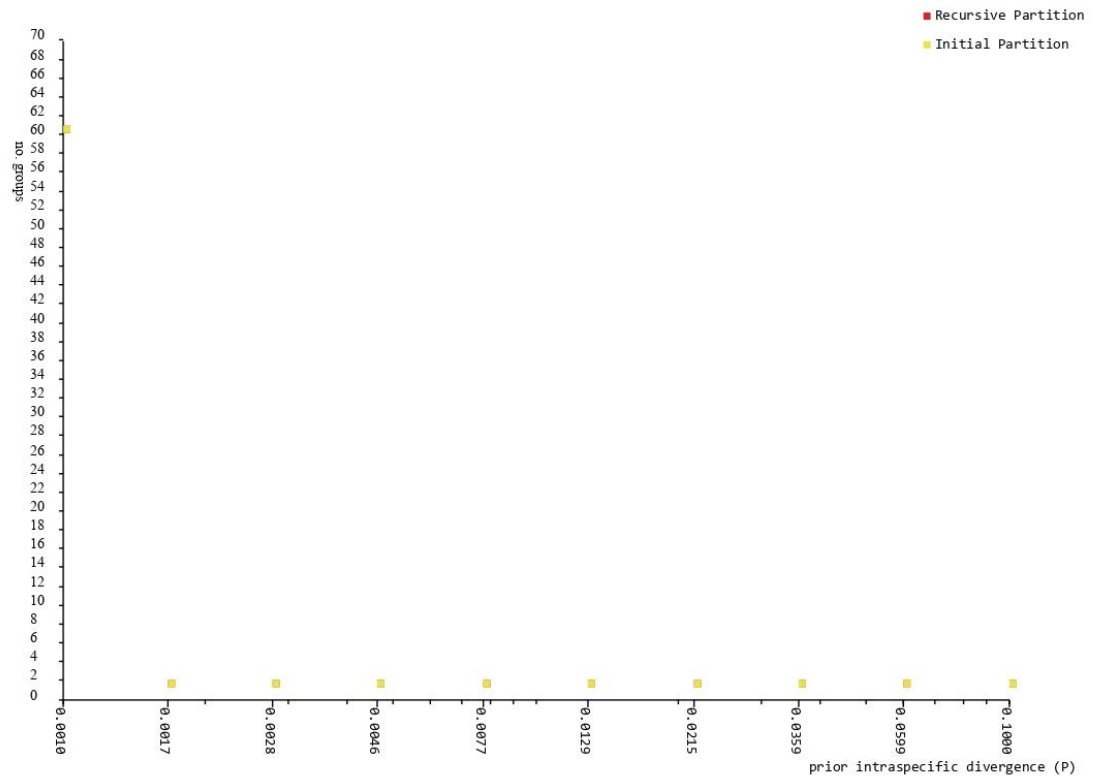
Data: alinhamento trachurus.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



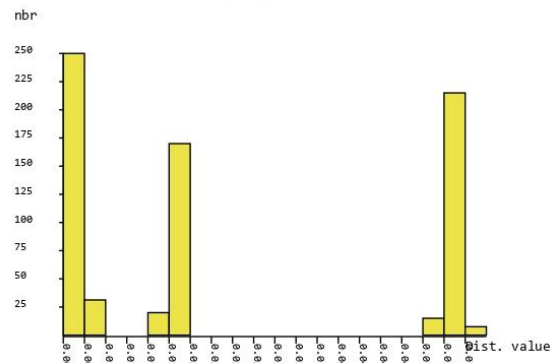
27/01/2022 01:47

abgd web

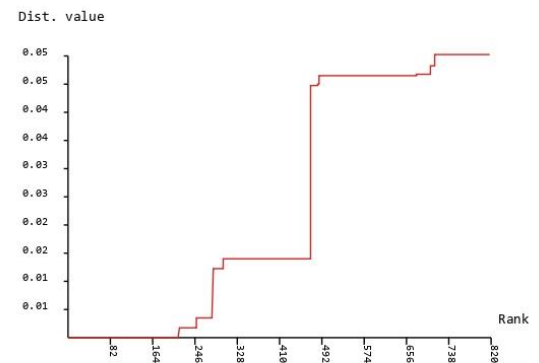
ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: alinhamento uraspis.fasta

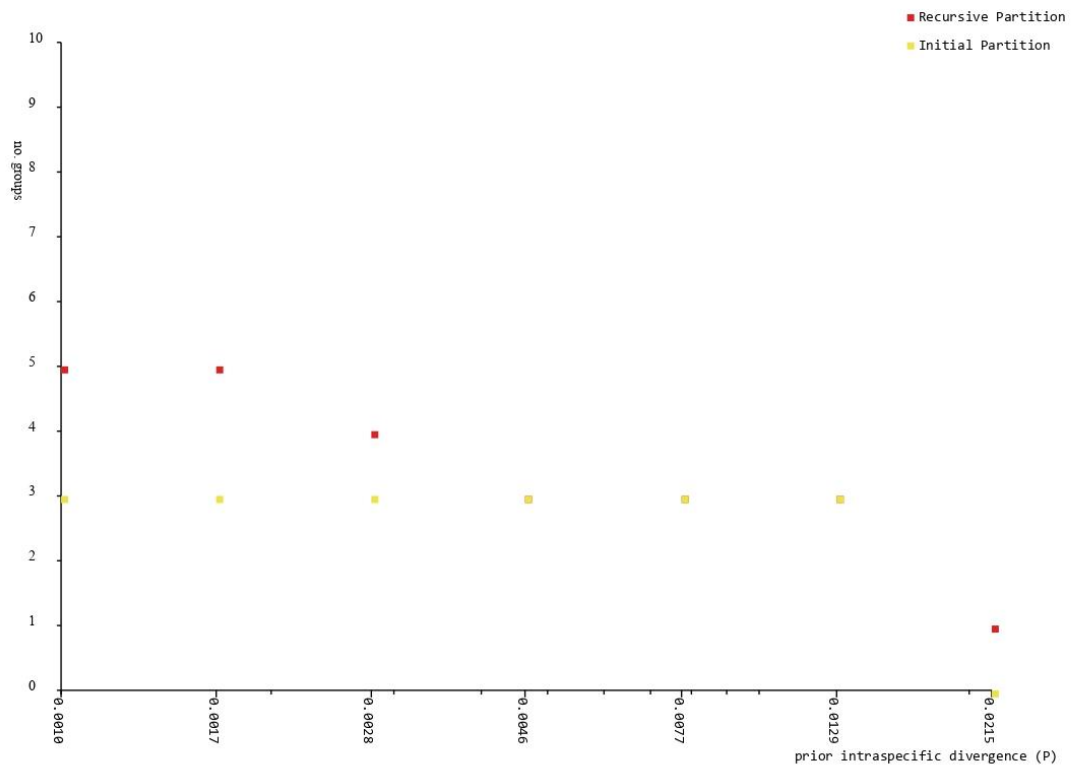
Histogram of distances [\[save\]](#)



Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Haemulidae

27/01/2022 00:38

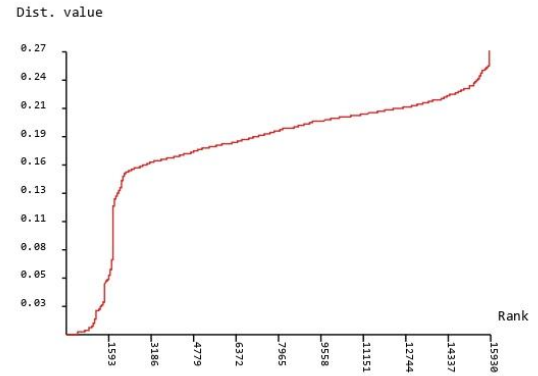
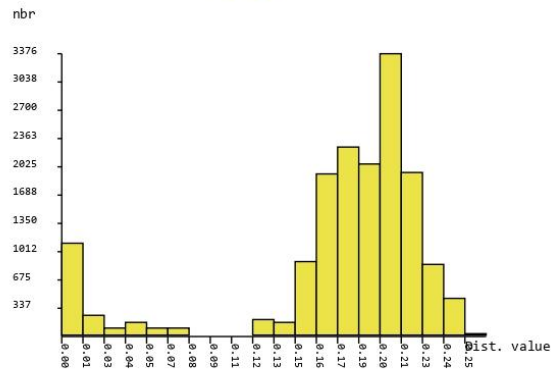
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

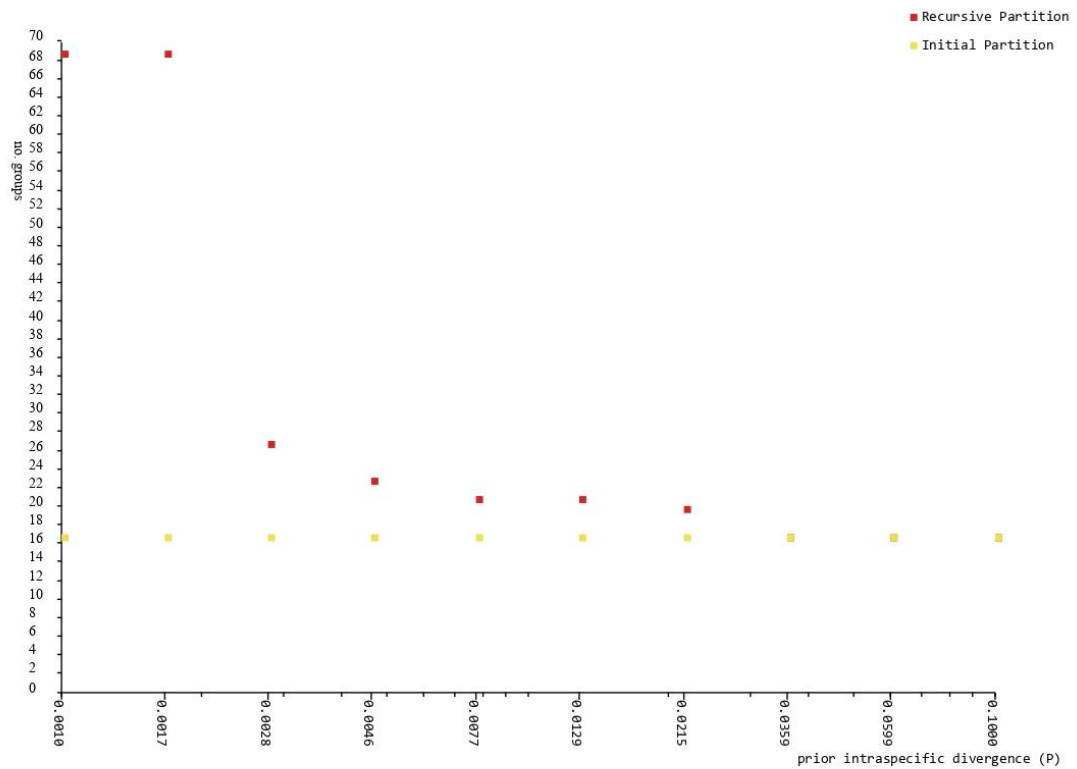
Data: matriz haemulidae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Scombridae

27/01/2022 00:42

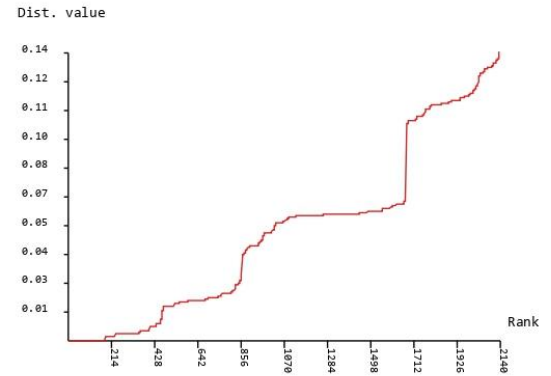
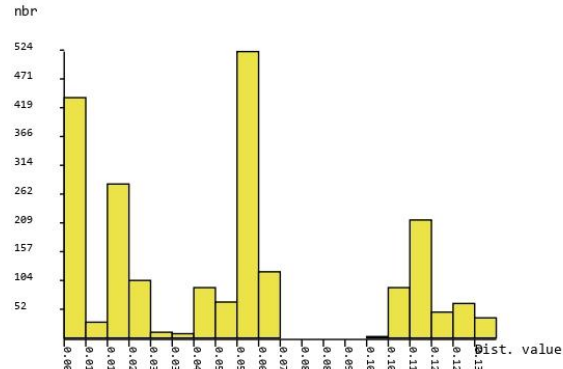
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

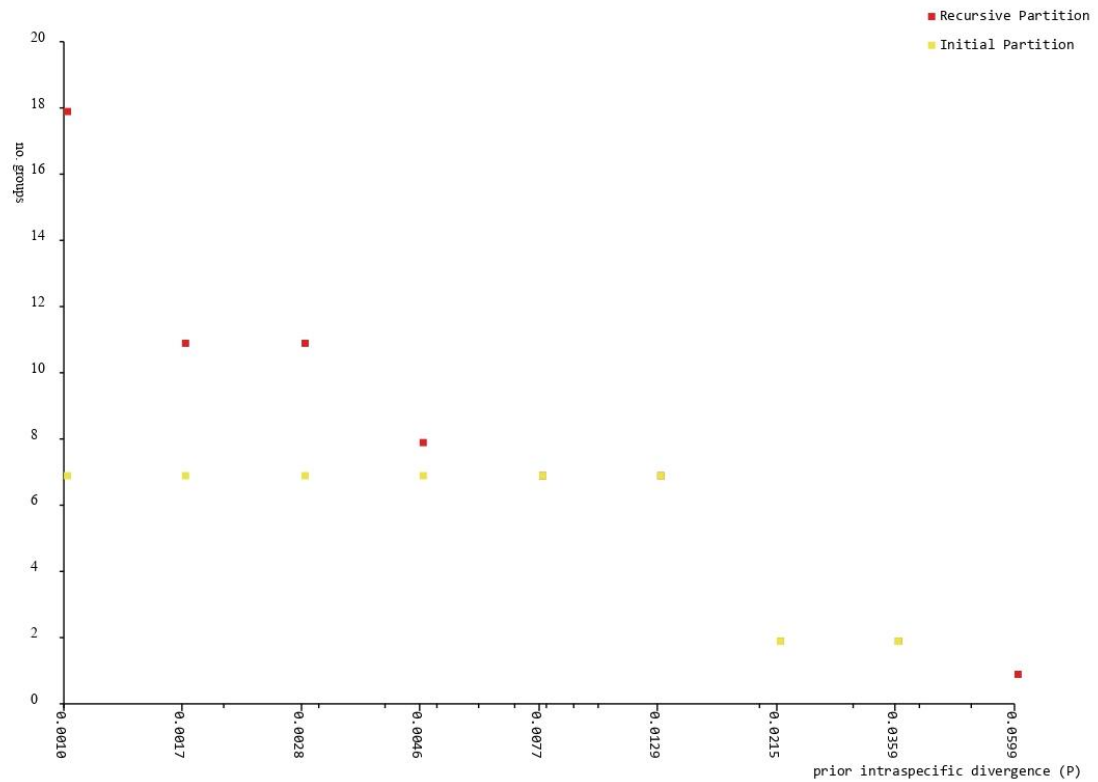
Data: matriz scombridae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Labridae

27/01/2022 00:48

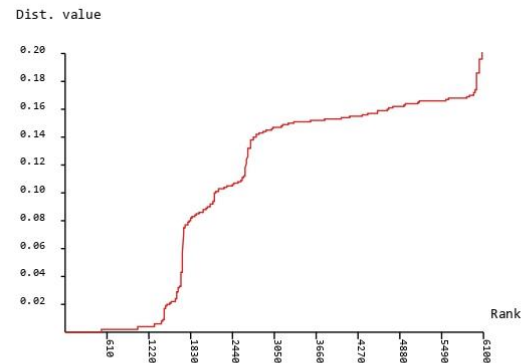
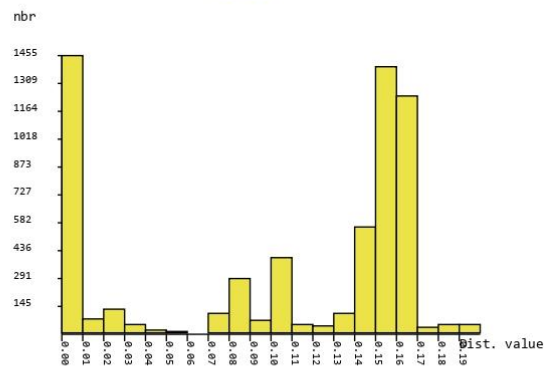
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

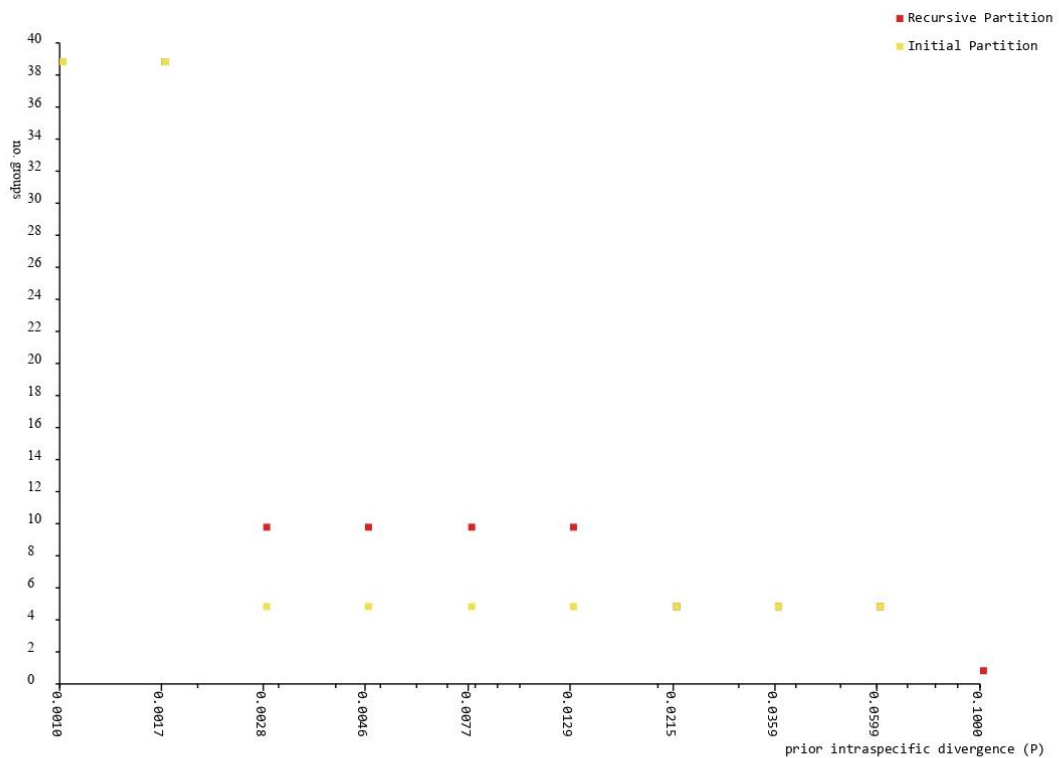
Data: matriz labridae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Congridae

27/01/2022 00:56

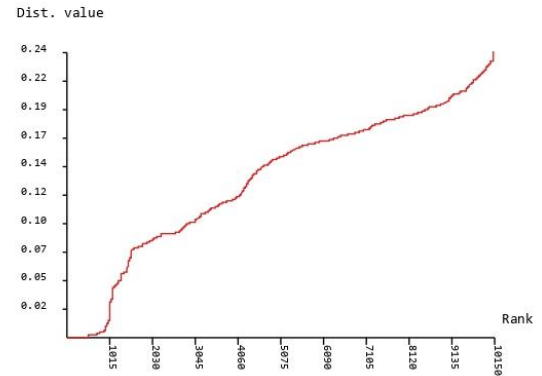
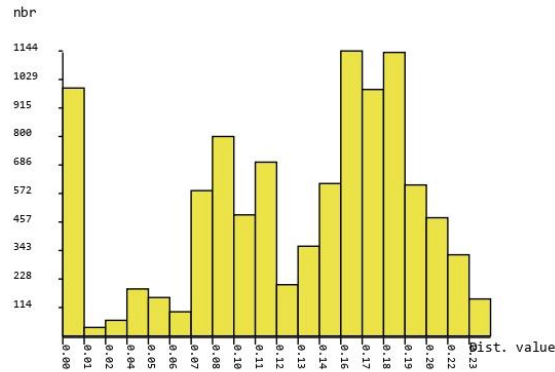
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura mesure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

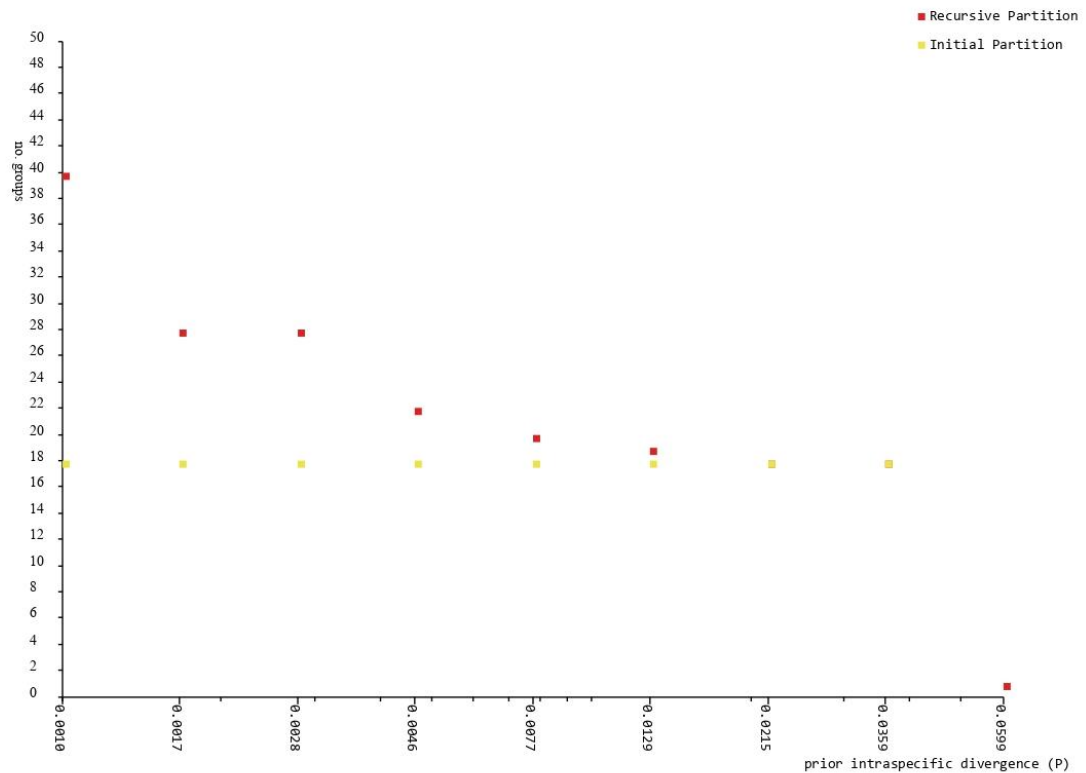
Data: matriz congridae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Muraenesocidae

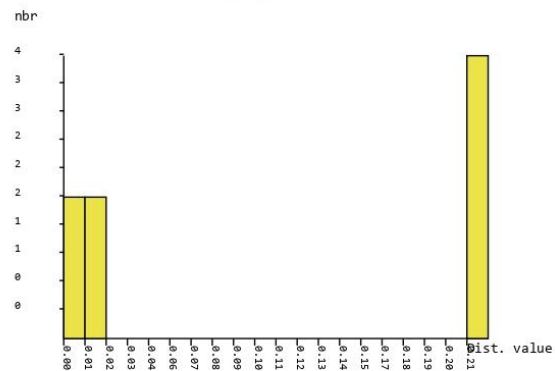
27/01/2022 00:59

abgd web

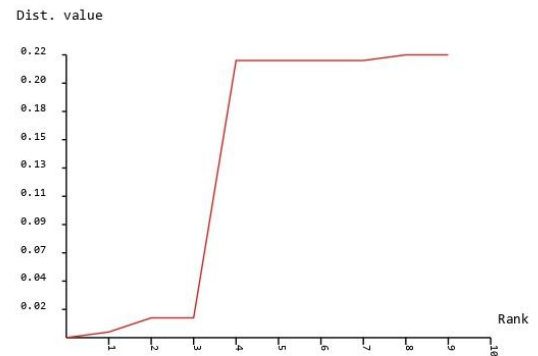
ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: matriz muraenesocidae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)



Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Ophichthidae

27/01/2022 01:02

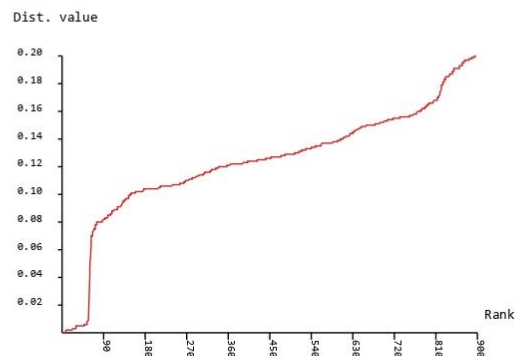
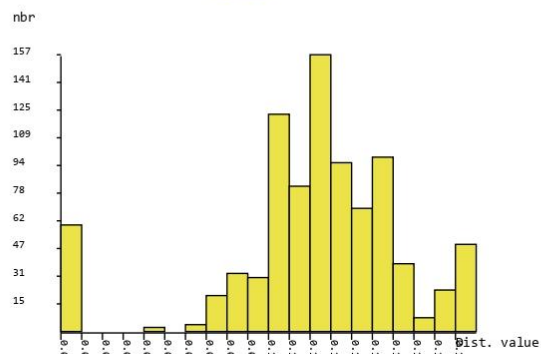
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: ophichthus alinhamento.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



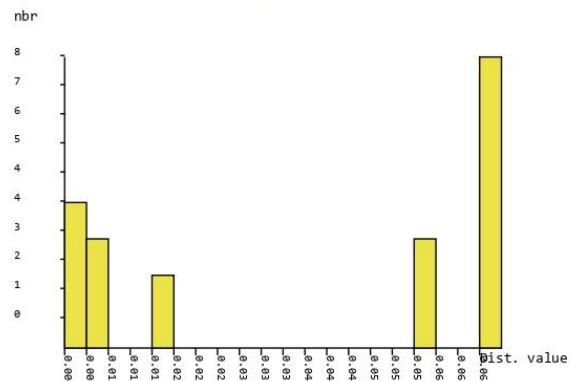
27/01/2022 01:05

abgd web

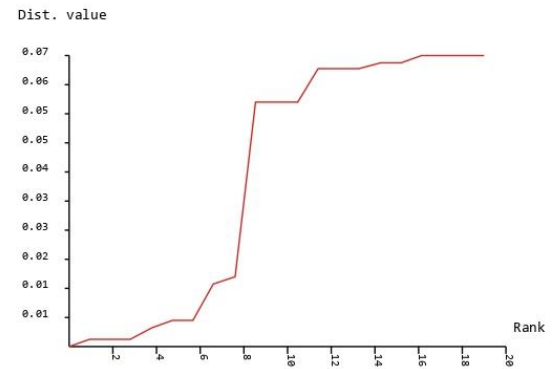
ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: *echiophis alinhamento.fasta*

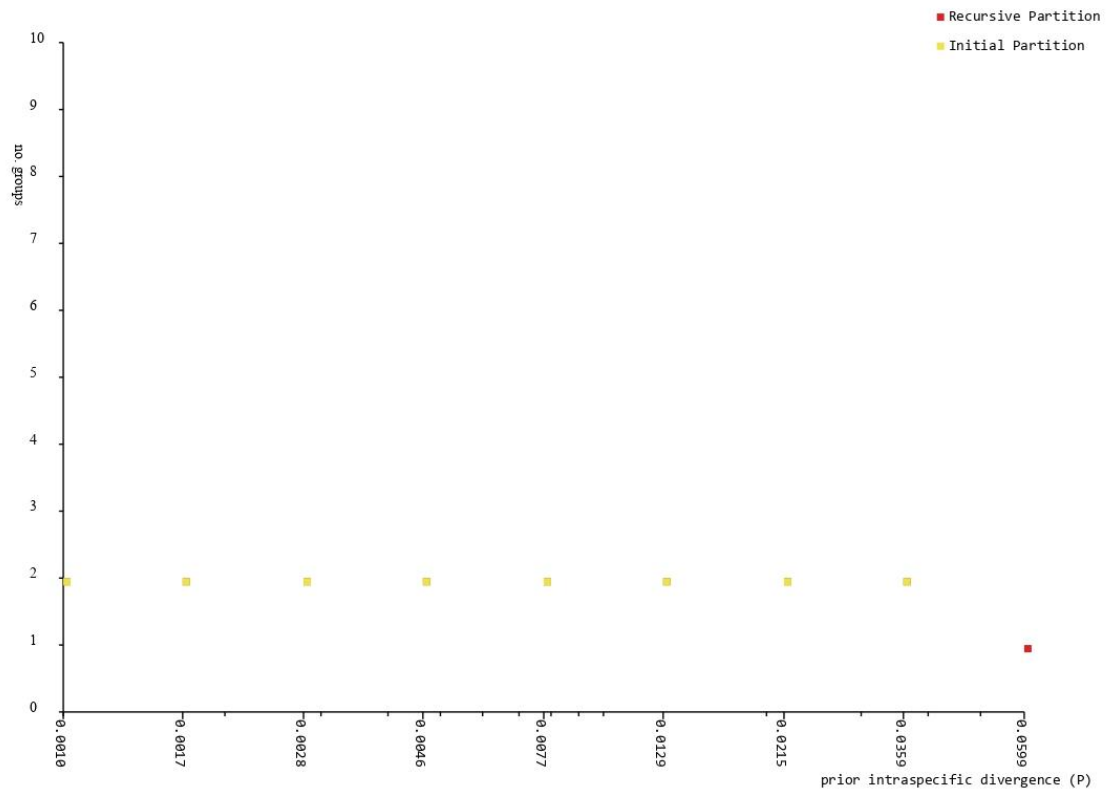
Histogram of distances [\[save\]](#)



Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Scianidae

27/01/2022 01:10

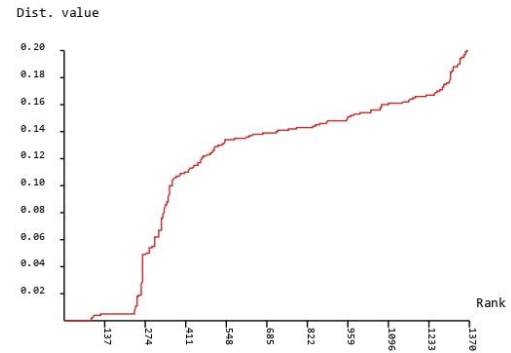
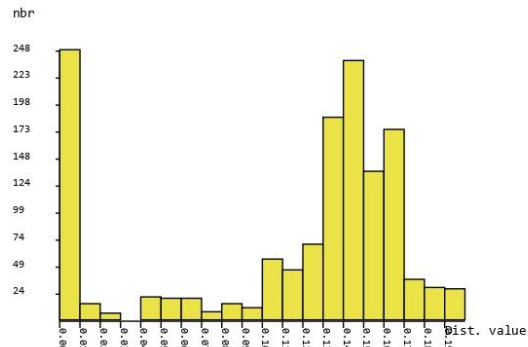
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

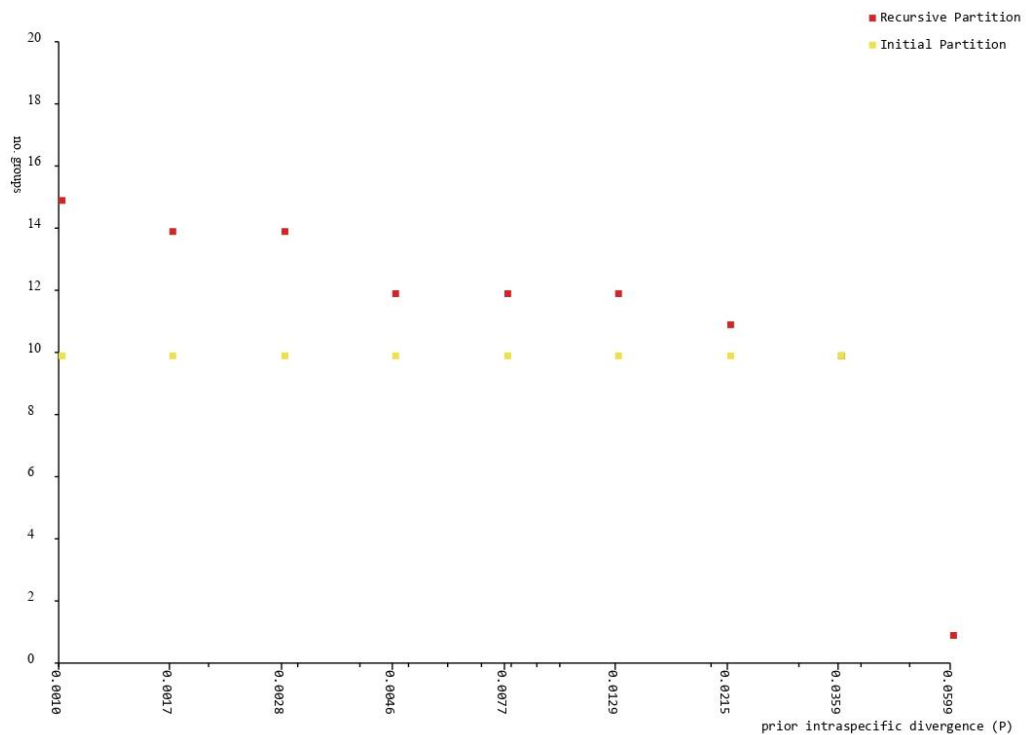
Data: umbrina alinhamento.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition

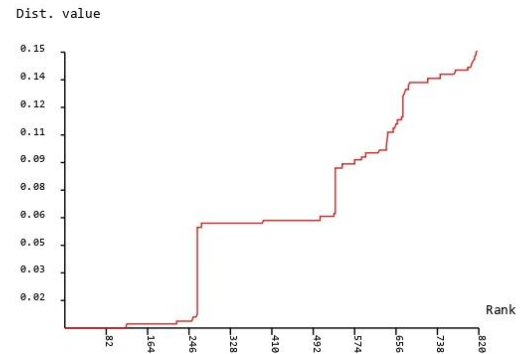
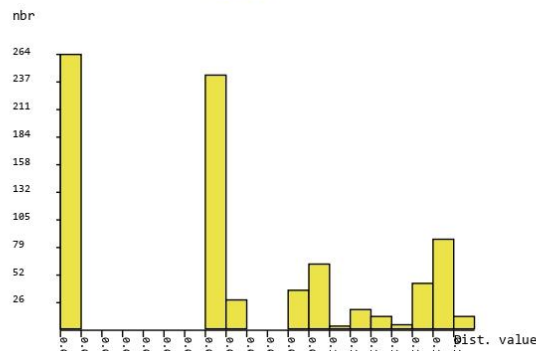


27/01/2022 01:16

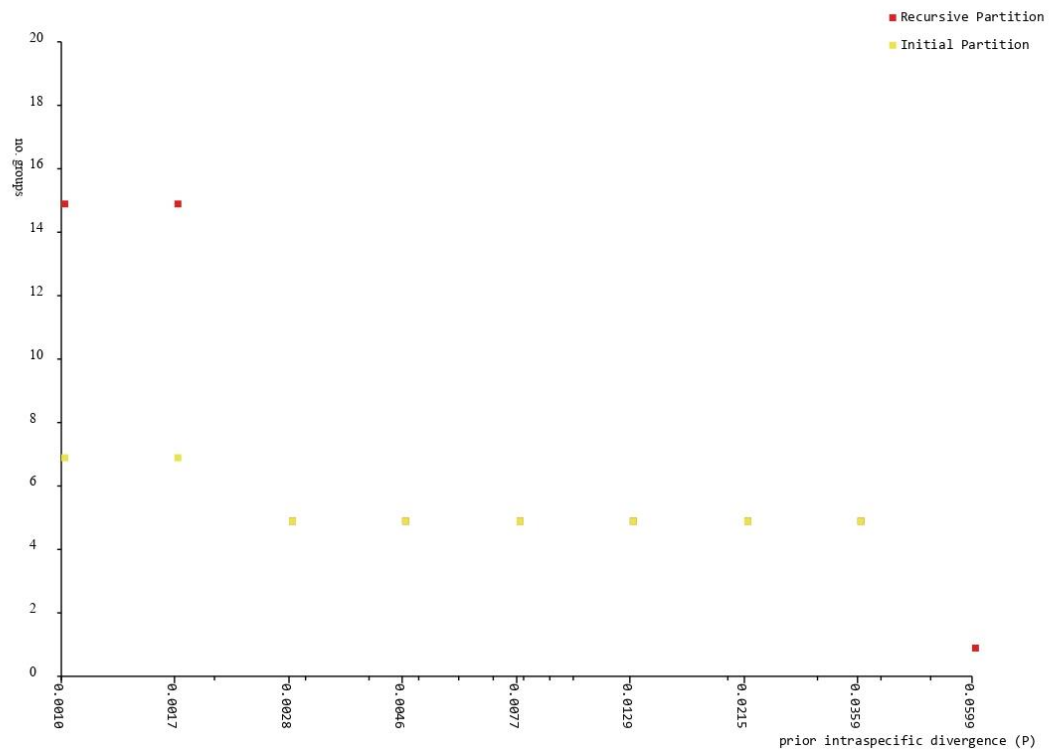
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: pareques alinhamento.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)Ranked distances [\[save\]](#)

A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Cyclopsettidae

27/01/2022 01:20

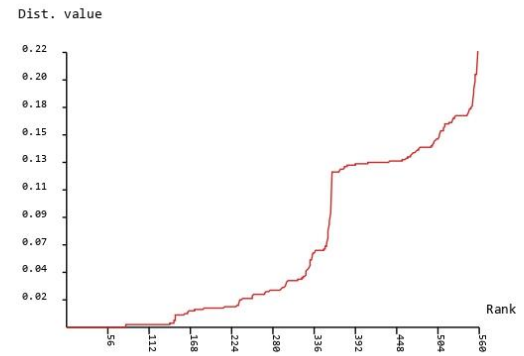
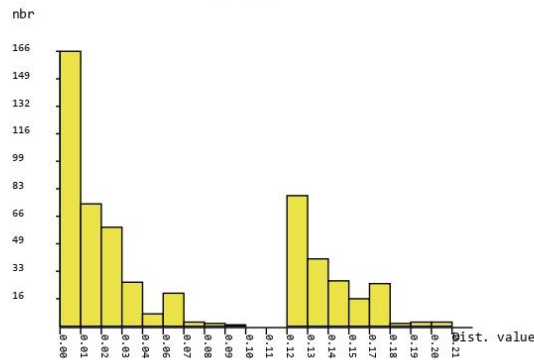
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

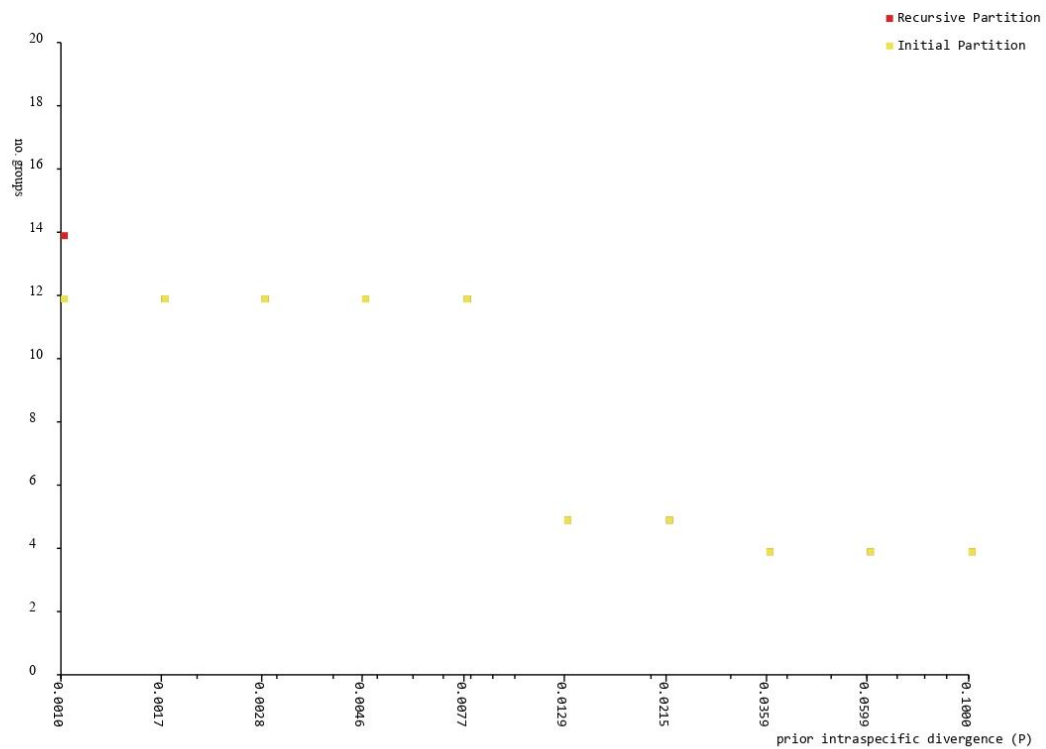
Data: matriz etropus.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Belonidae

27/01/2022 01:24

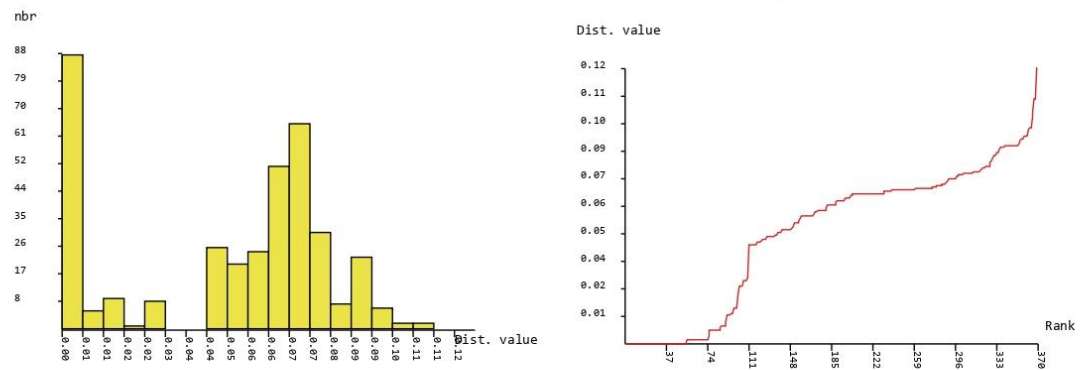
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

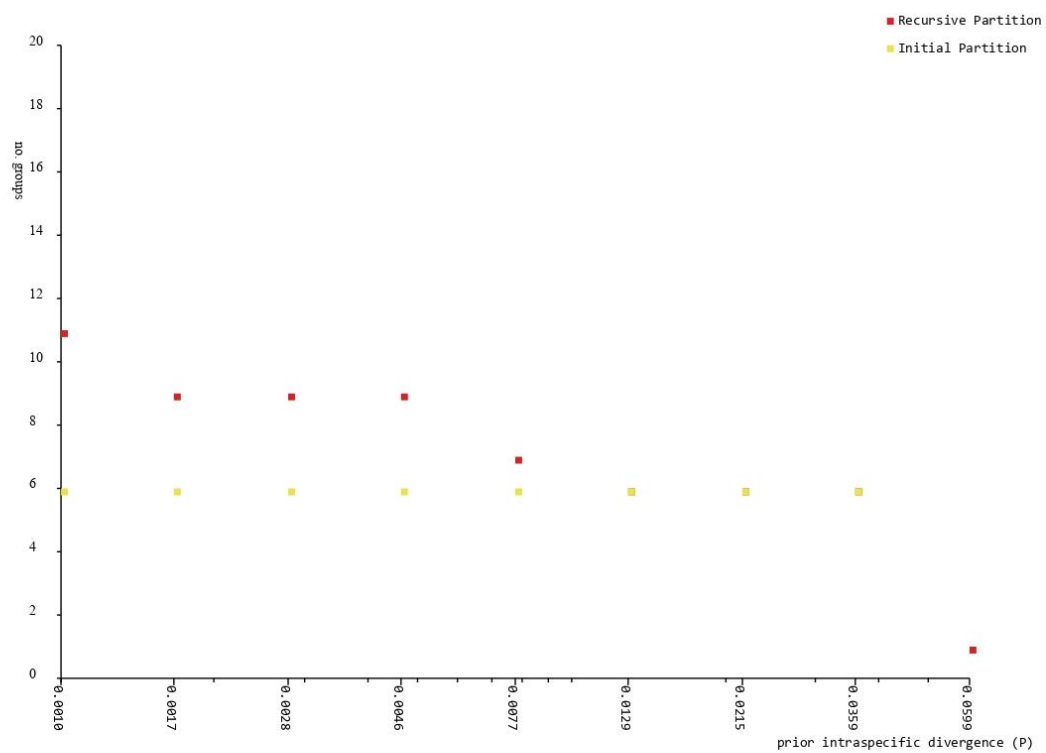
Data: matriz ablennes.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition



Família Exocoetidae

27/01/2022 01:26

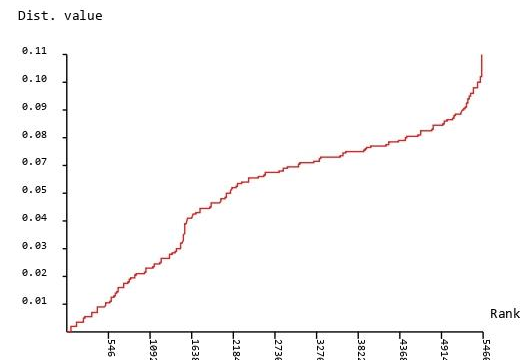
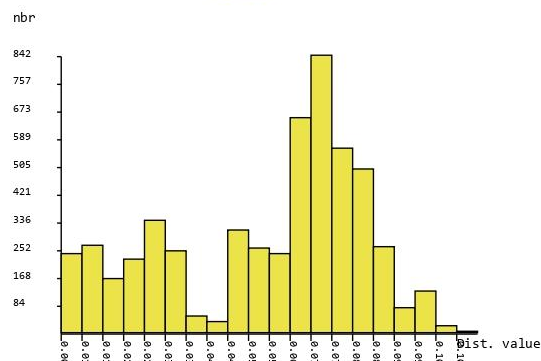
abgd web

ABGD Web results using K80 Kimura measure of distance Left/right click [here](#) to save matrix distance file

Data: matriz exocoetidae.fasta

Histogram of distances [\[save\]](#)

Ranked distances [\[save\]](#)



A Click on a symbol will open a new tab/window showing the selected partition

