

RESSALVA

Atendendo solicitação do autor, o texto completo deste documento será disponibilizado somente a partir de 28/08/2027.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU

DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA ESTRUTURAL E FUNCIONAL

**IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E ESTUDO DAS RELAÇÕES
FILOGENÉTICAS ENTRE AS ESPÉCIES DA FAMÍLIA
IGUANODECTIDAE**

Luís Ricardo Ribeiro da Silva



Botucatu/SP
Agosto de 2025

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
INSTITUTO DE BIOCÊNCIAS DE BOTUCATU
DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA ESTRUTURAL E FUNCIONAL

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E ESTUDO DAS RELAÇÕES
FILOGENÉTICAS ENTRE AS ESPÉCIES DA FAMÍLIA
IGUANODECTIDAE

Doutorando: Luís Ricardo Ribeiro da Silva

Orientador: Prof. O Dr. Claudio de Oliveira

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas (Zoologia) do Instituto de Biociências de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Doutor.

Botucatu/SP
Agosto de 2025

R484i Ribeiro-Silva, Luís Ricardo
Identificação molecular e estudo das relações
filogenéticas entre as espécies da família Iguanodectidae /
Luís Ricardo Ribeiro-Silva. -- Botucatu, 2025
52 p.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista
(UNESP), Instituto de Biociências, Botucatu
Orientador: Claudio Oliveira

1. Zoologia. 2. Characiformes,. 3. Sistemática. 4.
Diversidade. 5. Iguanodectidae. I. Título.

ATA DA DEFESA PÚBLICA DA TESE DE DOUTORADO DE LUÍS RICARDO RIBEIRO DA SILVA, DISCENTE DO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (ZOOLOGIA), DO INSTITUTO DE BIOCIÊNCIAS - CÂMPUS DE BOTUCATU.

Aos 28 dias do mês de agosto do ano de 2025, às 14h, por meio de Videoconferência, realizou-se a defesa de TESE DE DOUTORADO de LUÍS RICARDO RIBEIRO DA SILVA, intitulada **IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E ESTUDO DAS RELAÇÕES FILOGENÉTICAS ENTRE AS ESPÉCIES DA FAMÍLIA IGUANODECTIDAE**. A Comissão Examinadora foi constituída pelos seguintes membros: Prof. Dr. CLAUDIO DE OLIVEIRA (Orientador(a) - Participação Virtual) do(a) Departamento de Biologia Funcional e Estrutural / Instituto de Biociências de Botucatu UNESP, Postdoctoral Researcher BRUNO FRANCELINO DE MELO (Participação Virtual) do(a) Department of Ichthyology, / American Museum of Natural History, New York, Professor Doutor GEORGE MENDES TALIAFERRO MATTOX (Participação Virtual) do(a) Departamento de Biologia / UNIVERSIDADE FEDERAL DE SAO CARLOS, Prof. Dr. RAFAELA PRISCILA OTA (Participação Virtual) do(a) Ciências Biológicas e Ambientais / Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Prof. Dr. VICTOR ALBERTO TAGLIACOLLO (Participação Virtual) do(a) Instituto de Biologia / Universidade Federal de Uberlândia. Após a exposição pelo doutorando e arguição pelos membros da Comissão Examinadora que participaram do ato, de forma presencial e/ou virtual, o discente recebeu o conceito final APROVADO. Nada mais havendo, foi lavrada a presente ata, que após lida e aprovada, foi assinada pelo(a) Presidente(a) da Comissão Examinadora.

Prof. Dr. CLAUDIO DE OLIVEIRA

Dedico esse trabalho à minha família.

Agradecimentos

Agradeço a todas as pessoas que fizeram parte deste processo e contribuíram para a minha formação.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro.

Ao Dr. Claudio Oliveira, pela orientação, apoio, amizade e pelas muitas conversas durante o café.

Ao Dr. Fausto Foresti, por me acolher em seu laboratório.

Ao Dr. James Albert, por me receber em seu laboratório durante o período de doutorado sanduíche na Universidade da Louisiana, em Lafayette.

À Dra. Lais Reia, pela ajuda nas análises desenvolvidas neste trabalho.

À Dra. Débora Diniz, pela ajuda, amizade e pelo carinho de sempre.

Ao Dr. Cristiano Moreira e a Carlson Oliveira, pela colaboração e contribuições neste estudo.

Ao amigo Xavier Plasencia, por me receber em sua casa durante o período do doutorado sanduíche.

Aos amigos que convivi em Lafayette: Jessé Figueiredo, Thais, Eric, Matthew, Kevin Torgersen, Xavier e Carolina.

Aos amigos Cristiano do Nascimento, Letícia Soares e Jefferson Crispin, muito obrigado pelas conversas e pela amizade.

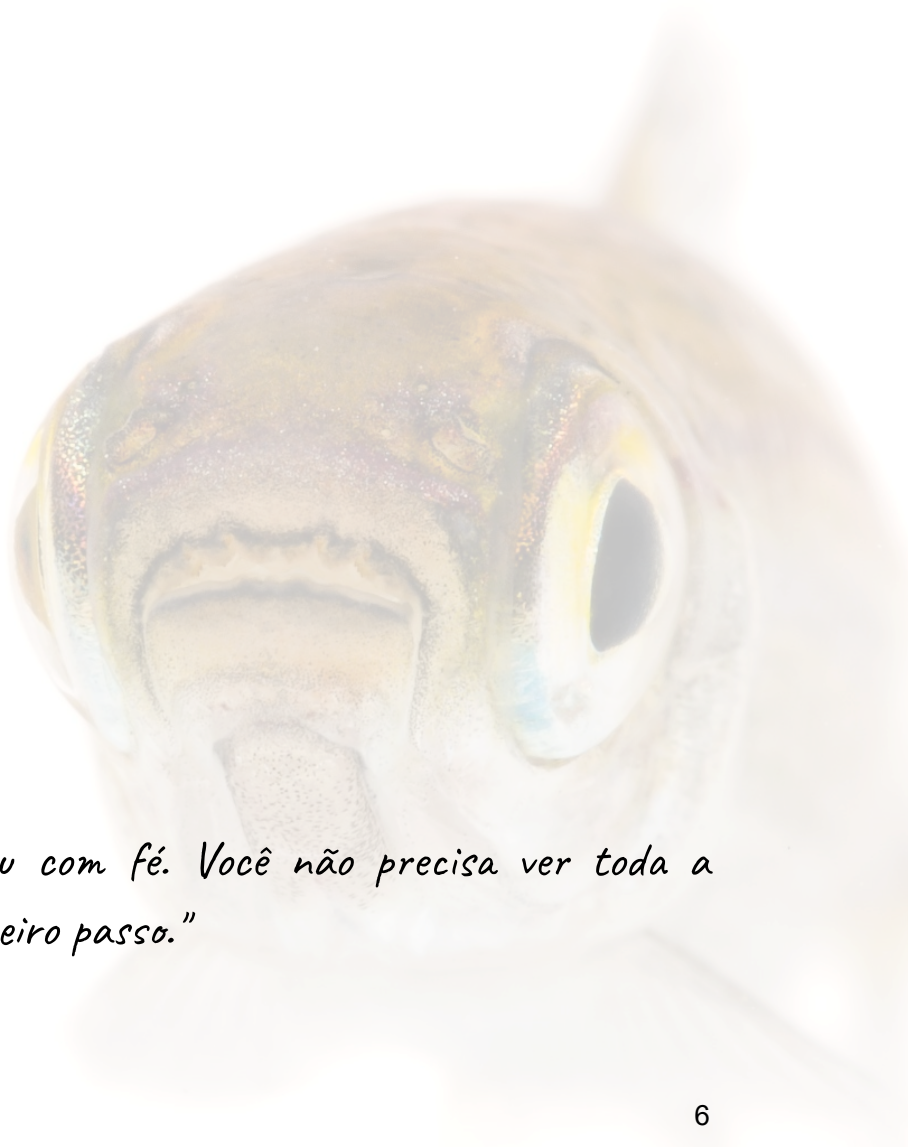
Ao Instituto de Biociências de Botucatu, ao Departamento de Biologia Funcional e Estrutural, e ao Laboratório de Biologia e Genética de Peixes de Botucatu, pelo suporte ao longo da pesquisa.

Aos amigos que me acompanham nessa caminhada: Felipe (Limão), André (Sabor), Wagner Luís, Pedro Tedesco, Valdinei Venâncio, Maria de Lourdes, Dona Piedade, Lilian e Heitor.

Ao G.O. Bethânia, lugar onde encontro paz e aconchego.

À família “Oremos”: Aiara, Andréia, Conrado, Janaína, Luanda, Mayara, Paulo e Pe. Gustavo. Vocês foram essenciais na minha vida!

Por fim, agradeço com todo o meu coração à minha família: minha mãe Luzia, Dê, meus irmãos Leandro, Luciano e Liliane, meus cunhados Lucas e Susana, e meus queridos sobrinhos Sarah, Lorena, Luís Miguel, Maria Clara e Davi, por todo amor, incentivo e apoio incondicional.



"Suba o primeiro degrau com fé. Você não precisa ver toda a escada, apenas dê o primeiro passo."

– Martin Luther King Jr.

RESUMO

Iguanodectidae é a oitava família mais diversa de Characiformes com 39 espécies válidas divididas em três gêneros *Iguanodectes*, *Piabucus* e *Bryconops*, distribuídos pelas bacias dos rios Amazonas, Orinoco, Essequibo, São Francisco e Paraná-Paraguai, e nos rios costeiros da Venezuela, Guianas, Suriname, Guiana Francesa e nordeste do Brasil. Sua posição filogenética em Characiformes tem sido bastante controversa com uma taxonomia ainda bastante complexa e restrita a descrições originais. Seu reconhecimento como família só ocorreu em 2011. O grupo tem sido estudado taxonomicamente, mas, até o presente, os estudos se restringiram a análises morfológicas ou propostas de possíveis arranjos baseados em revisões taxonômicas ou descrição de espécies. Desta maneira, não há trabalhos inclusivos que testem os relacionamentos das espécies de Iguanodectidae e não existem revisões taxonômicas publicadas para *Piabucus*. A revisão de *Iguanodectes* é da década passada e as de *Bryconops* se restringem às espécies que ocorrem na Venezuela. A identificação de espécies usando dados moleculares e a construção de filogenias utilizando dados genômicos, como os elementos ultraconservados (UCEs), tem sido ferramentas muito úteis em estudos sobre biodiversidade. Considerando o exposto acima o presente projeto tem como objetivos elaborar e testar hipóteses sobre a diversidade e sobre as relações filogenéticas entre as espécies dos três gêneros da família Iguanodectidae com o uso de abordagens moleculares para identificação de espécies e elaboração de filogenias. Foram analisadas 202 sequências de DNA, revelando ampla variação genética (0,005% a 30,6%). Os métodos de delimitação de espécies identificaram entre 50 e 53 linhagens distintas. *Iguanodectes geisleri* destacou-se como uma linhagem única, sustentando sua elevação ao status de gênero próprio. Algumas espécies, como *I. spilurus* e *B. melanurus*, mostraram sinais de espécies crípticas. *I. purusi* apresentou baixa divergência genética em relação a *I. spilurus*, sugerindo sinonímia. A filogenia baseada em loci ultraconservados revelou que Iguanodectes é parafilético e indicou a existência de novos agrupamentos genéricos. O estudo conclui que a diversidade dentro dos Iguanodectidae está subestimada e propõe uma revisão taxonômica com base em uma abordagem integrativa.

Palavras-Chave: Iguanodectidae, Characiformes, Sistemática, Diversidade, Elementos ultraconservados (UCEs).

ABSTRACT

The family Iguanodectidae is the eighth most diverse lineage within Characiformes, comprising 35 valid species distributed across three genera—*Iguanodectes*, *Piabucus*, and *Bryconops*. These species inhabit the Amazon, Orinoco, Essequibo, São Francisco, and Paraná–Paraguay river basins, as well as the coastal rivers of Venezuela, the Guianas, Suriname, French Guiana, and northeastern Brazil. The phylogenetic placement of Iguanodectidae within Characiformes has long been a matter of debate, with its taxonomy remaining complex and largely restricted to original species descriptions. Recognition of Iguanodectidae as a distinct family was only established in 2011. Although the group has been subject to taxonomic investigation, studies have so far been limited to morphological analyses or to the proposal of tentative arrangements based on taxonomic reviews and species descriptions. Consequently, no comprehensive studies have tested the interspecific relationships within Iguanodectidae, and no taxonomic revisions have been published for the genus *Piabucus*. The most recent review of *Iguanodectes* dates back to the previous decade, while studies of *Bryconops* are restricted to species occurring in Venezuela. The use of molecular data for species identification and the reconstruction of phylogenies based on genomic datasets—such as ultraconserved elements (UCEs)—has proven to be an invaluable approach in biodiversity research. In light of these considerations, the present project aims to develop and test hypotheses regarding the diversity and phylogenetic relationships among the species of the three genera of Iguanodectidae, employing molecular tools for species delimitation and phylogenetic inference. The study investigated the diversity and evolutionary relationships of the genera *Bryconops*, *Iguanodectes*, and *Piabucus* using DNA barcoding, morphology, and genomic phylogeny. A total of 202 DNA sequences were analyzed, revealing wide genetic variation (0.005% to 30.6%). Species delimitation methods identified between 50 and 53 distinct lineages. *Iguanodectes geisleri* stood out as a unique lineage, supporting its elevation to its own genus. Some species, such as *I. spilurus* and *B. melanurus*, showed signs of cryptic species. *I. purusii* exhibited low genetic divergence from *I. spilurus*, suggesting synonymy. Phylogeny based on ultraconserved elements (UCEs) revealed that *Iguanodectes* is paraphyletic and pointed to the existence of new generic groupings. The study concludes that the diversity within Iguanodectidae is underestimated and proposes a taxonomic revision based on an integrative approach.

Keywords: Iguanodectidae, Characiformes, Systematics, Diversity, Ultra-conserved elements (UCEs).

Sumário

1. Introdução	9
1.1 A ordem Characiformes e a família Iguanodectidae	9
1.2 Diversidade da família Iguanodectidae	10
1.3 Sistemática e relações filogenéticas em Iguanodectidae	12
1.4 Elementos ultraconservados (UCEs)	14
2. Objetivos	15
3. Materiais e Métodos	16
3.1 Amostragem	16
3.2 Extração do DNA, amplificação e sequenciamento DNA barcode	16
3.3 Análise dos dados de DNA barcode	17
3.4 Alinhamento e análises de delimitação de espécies	17
3.5 UCEs	18
3.6 Preparação de bibliotecas, enriquecimento de UCEs e sequenciamento	18
3.7 Análises de UCEs e inferências filogenéticas	18
4. Resultados e Discussão	19
4.1 Delimitação de espécies	19
4.2 Relações Filogenéticas	27
5. Considerações finais	33
6. Referências Bibliográficas	34

1. Introdução

1.1 A ordem Characiformes e a família Iguanodectidae

A fauna de peixes neotropicais é a mais rica do planeta (Schaffer, 1998; Lévêque et al., 2008) sendo que, das 13 mil espécies de água doce descritas, cerca de 6.000 são endêmicas dessa região (Reis et al., 2003) e aproximadamente metade delas ocorre no Brasil (Buckup, 2007). Dentro desta enorme ictiofauna encontramos a ordem Characiformes que é um dos maiores e mais diversificados grupos de peixes de água-doce do mundo, com mais de 2.334 espécies válidas, distribuídas em 301 gêneros e 24 famílias (Toledo-Piza et al 2024) distribuídas nas maiores drenagens da África, América do Sul e Central, desde a Patagônia até o sul dos Estados Unidos (Reis et al., 2003). É representada por espécimes de diversos tamanhos, desde miniaturas (sensu Weitzman & Vari 1988) como algumas espécies de Crenuchidae, Cheirodontinae e Lebiasinidae (extensivamente utilizados em aquarismo), até alguns de grande porte e muito importantes para a pesca (e.g. *Brycon*, *Hydrocinus*, *Leporinus* e *Prochilodus*), todos com importantes funções ecológicas nos ecossistemas em que se encontram.

Uma enorme parcela dos peixes de água doce neotropicais se encontra na bacia Amazônica, a qual abriga o maior número de espécies de peixes de água doce do mundo (Reis et al., 2016). Muitas espécies têm sido formalmente descritas na última década e vários estudos mostraram que a diversidade intraespecífica em nível molecular e notavelmente alta, com muitos casos de espécies crípticas sendo relatados (Amaral et al., 2013; Paz et al., 2014; Benzaquem et al., 2015). Apesar do esforço no estudo da diversidade amazônica, muito do conhecimento sobre a diversidade de peixes é subestimada (Dagosta & De Pinna 2019), especialmente para os peixes de pequeno porte, como por exemplo os peixes da família Iguanodectidae.

Iguanodectidae foi descrita por Eigenmann (1910) mas por longo tempo foi tratada como subfamília em Characidae. Seu reconhecimento como família ocorreu apenas em 2011 (Oliveira et al., 2011), sendo uma das famílias mais diversa de Characiformes com 39 espécies válidas distribuídas em três gêneros *Iguanodectes* (oito espécies), *Piabucus* (três espécies) e *Bryconops* (28 espécies), distribuídos pelas bacias dos rios Amazonas, Orinoco, Essequibo, São Francisco e Paraná-Paraguai, e nos rios costeiros desde a Venezuela, Guianas, até o nordeste do Brasil (Van der Sleen & Moreira, 2017). Dois dos três gêneros, *Iguanodectes* e *Piabucus*, são representados por peixes pequenos, de corpos alongados, dentes multicuspidados, membranas branquiais unidas e livres do istmo, extremidade posterior da maxila não se estendendo até o olho, origem da nadadeira dorsal geralmente posterior ao meio do corpo (exceto em *Iguanodectes geisleri*) e nadadeira anal longa (exceto em *I. geisleri*) (Moreira, 2003). Além disso, alguns caracteres anatômicos internos também são diagnósticos, como a presença de um processo na face interna do dentário, o primeiro pterigióforo da nadadeira anal proximal expandido e recurvado posteriormente, e a porção anterior da câmara posterior da bexiga natatória menos espessa que sua porção posterior (Moreira, 2003). O gênero *Piabucus* se distingue de *Iguanodectes* pela presença de uma nadadeira peitoral longa, quase atingindo a origem da nadadeira pélvica e uma quilha peitoral bem desenvolvida (Borba et al., 2013). *Bryconops* se distingue dos demais gêneros por possuir margem ventral da maxila com uma curva acentuada posteriormente, de quase 90°, se estendendo além da articulação do quadrado e articular (Chernoff & Machado-Alisson 1999).

6. Referências Bibliográficas

- ABERER AJ, KOBERT K, STAMATAKIS A. 2014. ExaBayes: massively parallel Bayesian tree inference for the whole-genome era. *Mol Biol Evol*, 31(10), 2553-2556.
- ADEY A, MORRISON HG, ASAN, XUN X, KITZMAN JO. 2010. Rapid, low-input, low-bias construction of shotgun fragment libraries by high-density in vitro transposition. *Genome Biol* 11: R119.
- ALBERT, J. S. 2001. Species diversity and phylogenetic systematics of American knifefishes (Gymnotiformes, Teleostei). *Miscellaneous Publications Museum Zoology University Michigan* 190:1-129.
- ALBERT, J. S., AND W. G. R. CRAMPTON. 2003. Seven new species of the Neotropical electric fish *Gymnotus* (Teleostei, Gymnotiformes) with a redescription of *G. carapo* Linnaeus. *Zootaxa* 287:1-54.
- ALBERT, J.S., AND T.P. CARVALHO. 2011. Neogene assembly of modern faunas. In J.S. Albert and R.E. Reis (editors), *Historical Biogeography of Neotropical Freshwater Fishes*: 119-136. Berkeley: University of California Press.
- AMARAL, C.R.L., BRITO, P.M., SILVA, D.A. & CARVALHO, E.F. 2013. A new cryptic species of South American freshwater pufferfish of the genus *Colomesus* (Tetraodontidae), based on both morphology and DNA data. *PLoS ONE* 8: e74397.
- AMARAL R. F, NEVES LG, RESENDE MFR, JR, MOBILI F, MIYAKI CY, PELLEGRINO KCM. (2015) Ultraconserved Elements Sequencing as a Low-Cost I.BSource of Complete Mitochondrial Genomes and Microsatellite Markers in Non-Model Amniotes. *PLoS ONE* 10(9): e0138446. doi:10.1371/ journal. phone.0138446
- ARCILA, D., G. ORTÍ, R. VARI, J. W. ARMBRUSTER, M. L. J. STIASNY, K.D. KO, M. H. SABAJ, J. LUNDBERG, L. J. REVELL, AND R. BETANCUR-R. 2017. Genomewide interrogation advances resolution of recalcitrant groups in the tree of life. *Nat. Ecol. Evol.* 1:0020.
- BEJERANO G, PHEASANT M, MAKUNIN I, STEPHEN S, KENT WJ. 2004. Ultraconserved elements in the human genome. *Science* 304: 1321-1325.
- BELLAFRONTE E., MARIGUELA T. C., PEREIRA L. H. GARCIA, OLIVEIRA C. & MOREIRA-FILHO O. 2013. DNA barcode of Parodontidae species from the La Plata river basin -applying new data to clarify taxonomic problems. *Neotropical Ichthyology*. 11. 3, 497-506.
- BENZAQUEM, D.C., OLIVEIRA, C., DA SILVA BATISTA, J., ZUANON, J. & PORTO, J.I.R. 2015. DNA barcoding in pencilfishes (Lebiasinidae: Nannostomus) reveals cryptic diversity across the Brazilian Amazon. *PLoS ONE* 10: 1-14.
- BETANCUR-R, R., ARCILA, D., VARI, R. P., HUGHES, L. C., OLIVEIRA, C., SABAJ, M. H., & ORTÍ, G. 2019. Phylogenomic incongruence, hypothesis testing, and taxonomic sampling: The monophyly of characiform fishes. *Evolution*, 73(2), 329-345.
- BICKFORD, D.; LOHMAN, D.J.; SODHI, N.S.; NG, P.K.L.; MEIER, R.; WINKER, K.; INGRAM, K.K.; DAS, I. 2007. Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends Ecol. Evol.* 22, 148-155.
- BÖHLKE, J., 1954. Studies on fishes of the family Characidae.- No 6. A synopsis of the Iguanodectinae. *Ann. Mag. Nat. Hist. London, Ser. 12*, 7:97-104.

BÖHLKE, E. B. 1984. Catalog of type specimens in the ichthyological collection of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia. Acad. Nat. Sci. Philad., Spec. Publ, 14-246 pp.

BORBA, R. S., SILVA, E. L., PONZETTO, J. M., POZZOBON, A. P. B., 30 CENTOFANTE, L., ALVES, A. L. & PARISE-MALTEMPI, P. P. 2013. Genetic structure of the ornamental tetra fish species *Piabucus melanostomus* Holmberg, 1891 (CHARACIDAE, IGUANODECTINAE) in the Brazilian Pantanal wetlands inferred by mitochondrial DNA sequences. Biota Neotrop. 13(1): <http://www.biotaneotropica.org.br/v13n1/en/abstract?article+bn00413012013>

BOUCKAERT R, HELED J, KÜHNERT D, VAUGHAN T, WU C-H. 2014. BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. PLoS Comput Biol 10(4): e1003537.

BUCKUP, P. A., P.A.N.A. MENEZES, AND M. S. GHAZZI (eds.). 2007. Catálogo das Espécies de Peixes de Água Doce do Brasil. Rio de Janeiro: Museu Nacional.

BREMER, K. 1994. Branch support and tree stability. Cladistics, 10: 295-304.

BRITSKI, H. A. 1999. et al. Peixes do Pantanal: manual de identificação. Corumbá: Embrapa. 184 pp.

BRITSKI, H.A., SILIMON, K.S. & LOPES, B.S. 2007. Peixes do Pantanal: Manual de identificação. Embrapa, Brasília. PMID:18094823. 230 p.

CHAKRABARTY P, FAIRCLOTH BC, ALDA F, LUDT WB, MCMAHAN CD, NEAR T J. 2017. Comparative systematics of Ostariophysan fishes with a focus on the perplexing characins (Ostariophysi: Characiformes) using ultraconserved elements, traditional genes, and morphology. Syst Biol doi: 10.1093/sysbio/syx038.

CHERNOFF B, MACHADO-ALLISON A. 1999. *Bryconops colaroja* and *B. colanegra*, two new species from the Cuyuni and Caroni drainages of South America (Teleostei: Characiformes). Ichthyol Explor Freshw 10:355–370

CHERNOFF, B., A. MACHADO-ALLISON, F. PROVENZANO, P. WILLINK & P. PETRY. 2002. *Bryconops imitator*, a new species from the Río Caura basin of Venezuela (Teleostei: Characiformes). Ichthyological Exploration of Freshwaters, 13: 193-202.

CHERNOFF, B., & MACHADO-ALLISON A. 2005. *Bryconops magoi* and *Bryconops collettei* (Characiformes:Characidae), two new freshwater fish species from Venezuela, with comments on *B. caudomaculatus* (Günther). Zootaxa 1094 (1): 1–23.

COCKRELL, T. D. A., 1914. The scales of the South American characinid fishes. Ann. Carnegie Mus., 103(3): 92- 113, 23-28 pls.

CONCHEIRO-PÉREZ, G. A. C., O. RICAN, G. ORTI, E. BERMINGHAM, I. DOADRIO, AND R. ZARDOYA. 2007. Phylogeny and biogeography of 91 species of heroine cichlids (Teleostei: Cichlidae) based on sequences of the cytochrome b gene. Molecular Phylogenetics and Evolution 43:91–110.

COPE, E. D., 1872. On the fishes of the Ambyiacu River. Proc. Acad. Nat. Sci. Phila., 23:250-294

CRAWFORD NG, FAIRCLOTH BC, MCCORMACK JE, BRUMFIELD RT, WINKER K, GLENN TC. 2012. More than 1000 ultraconserved elements provide evidence that turtles are the sister group of archosaurs. Biol Lett 8: 783–786.

CUVIER, G. & A. VALENCIENNES, 1850. Histoire naturelle des poissons. Tome vingt-deuxième. Suite du livre vingt-deuxième. Suite de la famille des Salmonoïdes. Table generale de l'Histoire Naturelle des Poissons pp. 1-91. Hist. Nat. Poiss. v. 22.

- DAGOSTA, FERNANDO & DE PINNA, MARIO. 2019. The Fishes of the Amazon: Distribution and Biogeographical Patterns, with a Comprehensive List of Species. *Bulletin of the American Museum of Natural History*. 431. 1. 10.1206/0003-0090.431.1.1.
- DE QUEIROZ, K. Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, v. 56, n. 6, p. 879–886, 2007. DOI: 10.1080/10635150701701083.
- DRUMMOND AJ, HO SYW, PHILLIPS MJ, RAMBAUT A. 2006. Relaxed Phylogenetics and Dating with Confidence. *PLoS Biol* 4(5): e88.
- EDGAR RC, DRIVE RM, VALLEY M. 2004. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. 32, 1792–1797.
- EIGENMANN, C. H. & R. S. EIGENMANN, 1891. A catalogue of the fresh-water fishes of South America. *Proc. U. S. Natl. Mus.*, 14(842): 1-81.
- EIGENMANN, C. H., 1910. Catalogue of the fresh-water fishes of tropical and South temperate America. In: *Reports of the Princeton University expeditions to Patagonia 1896-1899. Zoology. Fishes Patagonia*.p. 375-511.
- EIGENMANN, C.H., 1912. The freshwater fishes of British Guiana, including a study of the ecological grouping of the species, and the relation of the fauna of the plateau to that of the lowlands. *Mem. Carnegie Mus.*5(67):xxii + 578.
- EIGENMANN, C. H., 1917. The American Characidae [Part 1]. *Mem. Mus. Comp. Zool.*, 43: 1-102.
- EIGENMANN, C. H., AND G. S. MYERS .1929. The American Characidae. *Mem. Mus. Comp. Zool.*, Harvard College, vol. 43, pt. 5, pp. 429-574, 11 pls.
- ESCHMEYER W .2013. Catalog of fishes. Electronic publication in “Worldwide Web”. Available: <http://www.calacademy.org/research/ichthyology/catalog>. Accessed 20 February 2013.
- ESCHMEYER, W.N., FONG, J.D., 2020. Species of fishes by family/subfamily. *Catal. Fish*. 2020.
- EVANNO, G., REGNAUT, S., & GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology*, 14(8), 2611-2620. 2005.
- FAIRCLOTH BC, MCCORMACK JE, CRAWFORD NG, HARVEY MG, BRUMFIELD RT, GLENN TC. 2012. Ultraconserved Elements Anchor Thousands of Genetic Markers Spanning Multiple Evolutionary Timescales. *Syst Biol* 61:717-726.
- FAIRCLOTH BC, GLENN TC. 2012. Not all sequence tags are created equal: Designing and validating sequence identification tags robust to indels. *PLoS ONE* 7: e42543.
- FAIRCLOTH BC, SORENSON L, SANTINI F, ALFARO ME. 2013. A Phylogenomic Perspective on the Radiation of Ray-Finned Fishes Based upon Targeted Sequencing of Ultraconserved Elements (UCEs). *PLoS ONE* 8: e65923.
- FAIRCLOTH BC, BRANSTETTER MG, WHITE ND, BRADY SG. 2015. Target enrichment of ultraconserved elements from arthropods provides a genomic perspective on relationships among Hymenoptera. *Molecular Ecology Resources*: 15: 489–501 doi: 10.1111/1755-0998.12328 PMID: 25207863
- FAIRCLOTH, B.C., 2016. PHYLUCE is a software package for the analysis of conserved genomic loci. *Bioinformatics*, 32(5), pp.786-788.
- FAIRCLOTH, B.C. (2017) Data from: Identifying conserved genomic elements and designing universal probe sets to enrich them. Dryad Digital Repository, <http://dx.doi.org/10.5061/dryad.v0k4h>.

FAIRCLOTH, B. C., ALDA, F., HOEKZEMA, K., BURNS, M. D., OLIVEIRA, C., ALBERT, J. S. & SIDLAUSKAS, B. L. (2020). A target enrichment bait set for studying relationships among ostariophysan fishes. *Copeia*, 108(1), 47-60.

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

FELSENSTEIN J. 1988. Phylogenies from molecular sequences: Inference and reliability. *Ann Rev Genet* 22: 521–565.

FOUQUET A, GILLES A, VENCES M, MARTY C, BLANC M, GEMMELL NJ. 2007. Underestimation of species richness in neotropical frogs revealed by mtDNA analyses. *PLoS One*. 2, 1-10 e1109.

FRICKE, R., ESCHMEYER, W. N. & FONG, J. D. 2020. Species by family/subfamily.

<http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/SpeciesByFamily.asp>). Versão eletrônica acessada em 01 de março de 2020.

GÉRY, J., 1970. Le genre *Iguanodectes* Cope (Pisces, Characoidei). *Amazoniana* 2(4): 417-433.35

GÉRY, J., 1977. *Characoids of the World*. TFH Publications, Neptune City, NJ, USA.

GÉRY, J. 1993. Description de trois espèces nouvelles du genre *Iguanodectes* (Pisces, Characiformes, Characidae), avec quelques données récentes sur les autres espèces. *Rev. Fr. Aquariol.*, 19(4, for 1992): 97-105.

GÜNTHER, A., 1864. Catalogue of the fishes in the British Museum. Catalogue of the 36 Physostomi, containing the families Siluridae, Characinidae, Haplochitonidae, Sternoptychidae, Scopelidae, Stomiatidae in the collection of the British Museum. *Cat. Fishes*. V. 5, 455 pp.

GUEDES, T. L. O., E. F. OLIVEIRA & P. H. F. LUCINDA. 2016. A new species of *Bryconops* (Ostariophysi:Characiformes: Characidae) from the upper rio Tocantins drainage, Brazil. *Neotropical Ichthyology*, 14: e150176

GUIMARÃES, ERICK & OTTONI, FELIPE & KATZ, AXEL. 2016. Range extension of *Piabucus dentatus* (Koelreuter, 1763) for the Pindaré River drainage, Mearim River basin, Brazil (Characiformes: Iguanodectinae). *Cybum*. 41. 287-289.

GUIBAN, A. & ZIMMERMANN, N.E. 2000. Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecol. Model.*, 135, 147–186.

GUIBAN, ANTOINE & THUILLER, WILFRIED. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models (vol 8, pg 993, 2005). *Ecology Letters*. 10. 435-435. 10.1111/j.1461-0248.2007.01044. x.

GREGORY, W. K. & G. M. CONRAD, 1938. The phylogeny of the characin fishes. *Zoologica (N.Y.)*, 23(17): 319-360.

HARRINGTON RC, FAIRCLOTH BC, EYTAN RI, SMITH WL, NEAR T J, ALFARO ME & FRIEDMAN, M. 2016. Phylogenomic analysis of carangimorph fishes reveals flatfish asymmetry arose in a blink of the evolutionary eye. *BMC Evol Biol*, 16(1), 224.

HARRIS R. 2007. Improved pairwise alignment of genomic DNA. PhD Thesis, The Pennsylvania State University.

HARVEY MG, SMITH BT, GLENN TC, FAIRCLOTH BC, BRUMFIELD RT. 2016. Sequence capture versus restriction site associated DNA sequencing for shallow systematics. *Syst Biol* 65(5), 910-924.

HUBBELL, S. P. 2001. *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. Princeton, NJ: Princeton University Press.

- KATOH K, KUMA K, TOH H, MIYATA T. 2005. MAFFT version 5: Improvement in accuracy of multiple sequence alignment. *Nucleic Acids Res* 33: 511–518.
- KIMURA M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 16(2), 111-120.
- KEARSE M, MOIR R, WILSON A, STONES-HAVAS S, CHEUNG M, STURROCK S, BUXTON S, COOPER A, MARKOWITZ S, DURAN C, THIERER T, ASHTON B, MEINTJES P, DRUMMOND A. 2012. Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinf* 28: 1647–1649.
- KUMAR S, STECHER G, TAMURA K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol Biol Evol* 33:1870-1874.
- KUMAR, S.; STECHER, G.; LI, M.; KNYAZ, C.; TAMURA, K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, Oxford, v. 35, n. 6, p. 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.
- Knöppel H-A, Junk W, Géry J. *Bryconops (Creatochanes) inpai*, a new characoid fish from the central Amazon region, with a view of the genus *Bryconops*. *Amazoniana*. 1968; 1(3):231–46.
- KOELREUTER, J. G., 1763. Piscium variorum e Museo Petropolitano excerptorum descriptiones. *Novi Comment. Acad. Sci. Imp. Petropol.*, 8: 337-430.e0128247. Doi:10.1371/journal.pone.0128247. 2015.
- LANDIS, M.J., MATZKE, N.J., MOORE, B.R. & HUELSENBECK, J.P. 2013. Bayesian analysis of biogeography when the number of areas is large. *Systematic Biology*, 62, 789–804.
- LANFEAR R, CALCOTT B, HO SYW, GUINDON S .2012. PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Mol Biol Evol* 29: 1695–1701.
- LÉVÊQUE, C., T. OBERDORFF, D. PAUGY, M. L. J. STIASSNY, AND P. A. TEDESCO. 2008. Global diversity of fi sh (Pisces) in freshwater. *Hydrobiologia* 595:545–567.
- LOVEJOY, N. R., AND M. L. ARAÚJO. 2000. Molecular systematics, biogeography and population structure of Neotropical freshwater needlefishes of the genus *Potamorhaphis*. *Molecular Ecology* 9:259–268.
- LOVEJOY, N. R., S. C. WILLIS, AND J. S. ALBERT. 2010. Molecular signatures of Neogene biogeographic events in the Amazon fi sh fauna. In *Amazonia, Landscape and Species Evolution*, edited by C. M. Hoorn and F. P. Wesselingh, 405–417. Oxford, UK: Blackwell Publishing.
- LUNDBERG, J. G., MARSHALL, L. G., GUERRERO, J., HORTON, B., MALABARBA, M. C. S. L. & WESSELINGH, F. 1998. The stage for Neotropical fish diversification: a history of tropical South American rivers. In: MALABARBA, L.R.; REIS, R. E.; VARI, R. P.; LUCENA, Z. M. S. & LUCENA, C. A S. 1998. *Phylogeny and classification of Neotropical fishes*. Porto Alegre: EDIPUCRS. 13-48.
- MACHADO-ALLISON, A., P. A. BUCKUP, B. CHERNOFF & R. ROYERO. 1993. Las especies del genero *Bryconops* Kner, 1858 en Venezuela (Teleostei, Characiformes). *Acta Biologica Venezuelica*, 14: 1-20.

MACHADO, C. D. B., ISHIZUKA, T. K., FREITAS, P. D. D., VALIATI, V. H., & GALETTI, P. M., JR. 2017. DNA barcoding reveals taxonomic uncertainty in *Salminus* (Characiformes). *Systematics and Biodiversity*. 15. 4, 372–382.

MANTHEY JD, CAMPILLO LC, BURNS KJ, MOYLE RG. 2016. Comparison of target-capture and restriction-site associated DNA sequencing for phylogenomics: a test in cardinalid tanagers (Aves, Genus: *Piranga*). *Systematic biology*, syw005.

MATZKE, N.J. 2013b. BioGeoBEARS: BioGeography with Bayesian (and likelihood) evolutionary analysis in R scripts, CRAN: The Comprehensive R Archive Net-work, Berkeley, CA. <http://CRAN.R-project.org/package=BioGeoBEARS>

MAYR E. 1942. *Systematics and the Origin of Species, from the View-point of a Zoologist*. New York: Harvard University Press. 372 pp.

MCCORMACK JE, FAIRCLOTH BC, CRAWFORD NG, GOWATY PA, BRUMFIELD RT, GLENN TC. 2012. Ultraconserved Elements Are Novel Phylogenomic Markers that Resolve Placental Mammal Phylogeny when Combined with Species Tree Analysis. *Genome Res* 22: 746–754.

MCCORMACK JE, HARVEY MG, FAIRCLOTH BC, CRAWFORD NG, GLENN TC, BRUMFIELD RT. 2013. A Phylogeny of Birds Based on Over 1,500 Loci Collected by Target Enrichment and High-Throughput Sequencing. *PLoS ONE* 8: e54848.

MELO BF, BENINE RC, MARIGUELA TC, OLIVEIRA C (2011) A new species of *Tetragonopterus* Cuvier, 1816 (Characiformes: Characidae: Tetragonopterinae) from the rio Jari, Amapá, northern Brazil. *Neotrop Ichthyol* 9: 49–56.

MELO, B.F.; OCHOA, LUZ E; VARI, R. P.P; OLIVEIRA, C. 2016. Cryptic species in the neotropical fish genus *Curimatopsis* (Teleostei, Characiformes). *ZOOLOGICA SCRIPTA*, v. 45, p. 650-658.

MELO BF, SIDLAUSKAS BL, NEAR TJ, ROXO FF, GHEZELAYAGH A, OCHOA LE, STIASSNY MLJ, ARROYAVE J, CHANG J, FAIRCLOTH BC, MACGUIGAN DJ, HARRINGTON RC, BENINE RC, BURNS MD, HOEKZEMA K, SANCHES NC, MALDONADO-OCAMPO JA, CASTRO RMC, FORESTI F, ALFARO ME, OLIVEIRA C. Accelerated Diversification Explains the Exceptional Species Richness of Tropical Characoid Fishes. *SYST BIOL*. 2021 DEC 16;71(1):78-92. DOI: 10.1093/SYSBIO/SYAB040. PMID: 34097063; PMCID: PMC9034337.

MIRANDE J.M. 2010. Phylogeny of the family Characidae (Teleostei: characiformes): from characters to taxonomy. *Neotrop Ichthyol.*; 8(3):385–568. <https://doi.org/10.1590/S1679-62252010000300001>

MIRANDE, J.M., 2019. Morphology, molecules and the phylogeny of Characidae (Teleostei, Characiformes). *Cladistics*, 35(3), pp.282-300.

MILHOMEM, S. S. R., J. C. PIECZARKA, W. G. R. CRAMPTON, D. S. SILVA, A. C. P. DE SOUZA, J. R. CARVALHO, AND C. Y. NAGAMACHI. 2008. Chromosomal evidence for a putative cryptic species in the *Gymnotus carapo* species-complex (Gymnotiformes, Gymnotidae). *BMC Genetics* 9:1–10.

MILLER, M. A.; PFEIFFER, W.; SCHWARTZ, T. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In: *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 14 nov. 2010, New Orleans. *Anais [...]*. New Orleans: IEEE. p. 1-8. DOI: 10.1109/GCE.2010.5676129.

MOREIRA, C. R. 2002. *Relações filogenéticas em Iguanodectinae (Characidae; Characiformes; Teleostei)*. 276 f. Dissertação (Mestrado) Instituto de Biociências, Departamento de Zoologia, Universidade de São Paulo, São Paulo.

MOREIRA, C. 2003. Subfamily Iguanodectinae. Pages 172-173 in Check list of the freshwater fishes of South and Central America (Reis, R.E., S.O. Kullander & C.J. Ferraris, eds.). Edipucrs, Porto Alegre.

MURRAY SW, CAMPBELL P, KINGSTON T, ZUBAID A, FRANCIS CM, KUNZ TH. 2011. Molecular phylogeny of hipposiderid bats from Southeast Asia and evidence of cryptic diversity. Mol Phylogenet Evol. Elsevier Inc. 2012. 62, 597–611.

OLIVEIRA, C., AVELINO, G. S., ABE, K. T., MARIGUELA, T. C., BENINE, R. C., ORTÍ, G., VARI, P. R. & CORRÊA E CASTRO, R. M. 2011. Phylogenetic relationships within the speciose family Characidae (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes) based on multilocus analysis and extensive ingroup sampling. BMC Evolutionary Biology, 11(1).

OKEN, L., 1817 V. Kl. Fische. Isis (Oken), 8 (148): 1779-1782.

PATTENGAL, N. D.; ALIPPI, E.; MORGANSON, M.; MORET, B. M. E.; STAMATAKIS, A. 2010. How many bootstrap replicates are necessary? Journal of Computational Biology, New Rochelle, v. 17, n. 3, p. 337-354. DOI: 10.1089/cmb.2009.0179

PAZ, F.P.C., BATISTA, J.D.S. & PORTO, J.I.R. 2014. DNA barcodes of rosy tetras and allied species (Characiformes: Characidae: Hyphessobrycon) from the Brazilian Amazon basin. PLoS ONE9: 1–8.

PONS, J., BARRACLOUGH, T.G., GOMEZ-ZURITA, J., CARDOSO, A., DURAN, D.P., HAZELL, S., KAMOUN, S., SUMLIN, W.D. & VOGLER, A.P. (2006). Sequence-Based Species Delimitation for the DNA Taxonomy of Undescribed Insects. Syst Biol 55, 595–609.

PUILLANDRE, N.; LAMBERT, A.; BROUILLET, S. & ACHAZ, G. A. B. G. D. 2012. Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. Molecular Ecology, 21(8): 1864-1877.

PUILLANDRE, N.; BROUILLET, S.; ACHAZ, G. 2020. ASAP: assemble species by automatic partitioning. Molecular Ecology Resources, Hoboken, v. 21, n. 2, p. 609-620, DOI: 10.1111/1755-0998.13281.

QUEIROZ, L. J. 2013. *Iguanodectes spilurus*. In: Luiz Jardim de Queiroz; Gislene Torrente-Vilara; Willian Massaharu Ohara; Tiago Henrique da Silva Pires, Jansen Zuanon, Carolina Rodrigues da Costa Doria. (Org.). Peixes do Rio Madeira. 1ed.São Paulo: Dialeto. 2013. 1, 288-289.

RAMBAUT A, DRUMMOND AJ. 2007a. Tracer v1.5. Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/software/tracer>.

RAMBAUT A, DRUMMOND AJ. 2007b. TreeAnnotator v1.4.8. Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/software/TreeAnnotator>.

RAMBAUT, A., SUCHARD, M. A., XIE, D., AND DRUMMOND, A. J. 2014. Tracer v1.6. Available online at: <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>

RATNASINGHAM S, HEBERT PD. 2013. A DNA-based registry for all animal species: the Barcode Index Number (BIN) system. PloS one, 8(7), e66213.

REE RH, SMITH SA .2008. Maximum likelihood inference of geographic range evolution by dispersal, local extinction, and cladogenesis. Syst Biol 57: 4–14.

REGAN, C. T., 1911. The classification of the teleostean fishes of the order Ostariophysi.I. Cyprinoidea. Ann. Mag. Nat. Hist. (Ser. 8), 8(43): 13-32.

REIS, R.E.; KULLANDER, S.O.; Ferrari Jr, C. J. 2003. Checklist of the Freshwater Fishes of South and Central America. Edipucrs, Porto Alegre, 742 pp.

REIS, R.E., ALBERT, J.S., DI DARIO, F., MINCARONE, M.M., PETRY, P. & ROCHA, L.A. 2016. Fish biodiversity and conservation in South America. J. Fish Biol. 89: 12–47.

RIBEIRO-SILVA, L.R. Delimitação molecular de espécies da família Iguanodectidae (Teleostei, Characiformes). 2020. Dissertação (Mestrado em Zoologia) – Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista “Julio Mesquita Filho” Botucatu, São Paulo.

RONQUIST, F. 1997. Dispersal–vicariance analysis: a new approach to the quantification of historical biogeography. *Systematic Biology*, 46, 195–203.

SCHAEFER, S.A. (1998) Conflict and resolution: Impact of new taxa on phylogenetic studies of the neotropical cascudinhos (Siluroidei: Loricariidae). In: Malabarba, L.R., Reis, R.E., Vari, R.P., Lucena, Z.M.S. & Lucena, C.A.S. (Eds.), *Phylogeny and classification of neotropical fishes*. Edipucrs, Porto Alegre, pp. 375–400.

STAMATAKIS, A. 2008. RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics*, Oxford, v. 22, n. 21, p. 2688–2690. DOI: 10.1093/bioinformatics/btl446.

SERRANO, É. A.; MELO, B. F.; FREITAS-SOUZA, D.; OLIVEIRA, M.; UTSUNOMIA, R.; OLIVEIRA, Claudio; FORESTI, Fausto. Species delimitation M.; Neotropical fishes of the genus *Characidium* (Teleostei, Characiformes). *ZOOLOGICA SCRIPTA*, v. 48, p. 69–80, 2019.

SILVA, E.L., PISCOR, D., PONZETO, J.M., CENTOFANTE, L., ALVES, A.L. & PARISE-MALTEMPI, P.P. 2011. Cytogenetic characterisation of the ornamental freshwater fish, *Piabucus melanostomus* (Iguanodectinae) from Brazilian wetlands and its relation with species of Characidae basal group. *Rev. Fish. Biol. Fish.* 22, 2, 477–484.

SILVA, GABRIEL S. C.; MELO, BRUNO F.; OLIVEIRA, CLAUDIO; BENINE, RICARDO C. 2016. Revision of the South American genus *Tetragonopterus* Cuvier, 1816 (Teleostei: Characidae) with description of four new species. *ZOOTAXA*, v. 4200, p. 1–46.

SILVA-OLIVEIRA, C., CANTO, A. L. C. & RIBEIRO, F. R. V. 2015. *Bryconops munduruku* (Characiformes: Characidae), a new species of fish from the lower Tapajós River basin, Brazil. *Zootaxa*, 3994 (1): 133–141.

SILVA-OLIVEIRA, CÁRLISON & CANTO, ANDRÉ & RIBEIRO, FRANK. 2019. A new tailspot tetra of the genus *Bryconops* (Teleostei: Iguanodectidae) from the lower rio Tapajós basin, Brazil. *Ichthyological Exploration of Freshwaters*. 10.23788/IEF-1087.

SMITH BT, HARVEY MG, FAIRCLOTH BC, GLENN TC, BRUMFIELD RT. Target capture and massively parallel sequencing of ultraconserved elements for comparative studies at shallow evolutionary time scales. *Systematic Biology*. 2014; 63: 83–95. doi: 10.1093/sysbio/syt061 PMID: 24021724

STAMATAKIS, A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30 (9): 1312–1313.

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

STARRETT J, DERKARABETIAN S., HEDIN M, BRYSON RW, MCCORMACK JE & FAIRCLOTH BC. 2016. High phylogenetic utility of an ultraconserved element probe set designed for Arachnida. *Mol Ecol Resour.* doi: 10.1111/1755-0998.12621.

TAMURA, K.; STECHER, G.; KUMAR, S. 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, Oxford, v. 38, n. 7, p. 3022–3027, DOI: 10.1093/molbev/msab120.

TOLEDO-PIZA, M. 2000. The Neotropical Fish Subfamily Cynodontinae (Teleostei: Ostariophysi: Characiformes): A Phylogenetic Study and a Revision of

Cynodon and Rhabdodon. American Museum Novitates, New York, NY, E.U.A., v. 3286, p. 1-88.

Toledo-Piza, M., Baena, E. G., Dagosta, F. C. P., Menezes, N. A., Andrade, M., Benine, R. C., et al. (2024). Checklist of the species of the Order Characiformes (Teleostei: Ostariophysi). Neotropical Ichthyology, 22(1): e230086. DOI: 10.1590/1982-0224-2023-0086

WARREN, DAN & WRIGHT, AMBER & SEIFERT, STEPHANIE & SHAFFER, H. 2014. Incorporating model complexity and spatial sampling bias into ecological niche models of climate change risks faced by 90 California vertebrate species of concern. Diversity and Distributions. 20. 10.1111/ddi.12160.

WILLIS, S. C., M. S. NUNES, C. G. MONTANA, I. P. FARIAS, AND N. R. Lovejoy. 2007. Systematics, biogeography, and evolution of the Neotropical peacock basses *Cichla* (Perciformes: Cichlidae). Molecular Phylogenetics and Evolution 44:291–307.

WEITZMAN SH, VARI RP. 1988. Miniaturization in South American freshwater fishes; and overview and discussion. Proc Biol Soc Wash. 101:444-465.

WINGERT J. M.; CHUCTAYA, J.; MALABARBA, L. R. 2018. A new species of 50 *Bryconops* (Characiformes: Iguanodectidae) from the Rio Tapajós basin, Brazil. Zootaxa 4418 (4): 379– 387.

VAN DER SLEEN, P. & MOREIRA, C. R. 2017. Family Iguanodectidae-Iguanodectidae characiformes. pag. 163-165, In: VAN DER SLEEN, P. & ALBERT, J.S (eds.) Field Guide to the Fishes of the Amazon, Orinoco, and Guianas. Princeton University Press. New Jersey, USA. 464 pp.

VARI, R.P. 1977. Notes on the characoid subfamily Iguanodectinae, with a description of a new species. Am. Mus. Novit., no. 2612:1-6.

XIA X, XIE Z. 2001. DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution. J Heredity 92: 371–373.

XIA, X.; XIE, Z.; SALEMI, M.; CHEN, L.; WANG, Y. An index of substitution saturation and its application. Molecular Phylogenetics and Evolution, San Diego, v. 26, n. 1, p. 1-7, 2003. DOI: 10.1016/S1055-7903(02)00326-3.

XIA, X.; LEMEY, P. Assessing substitution saturation with DAMBE. In: LEMEY, P.; SALMINEN, M.; VANDAMME, A.-M. 2009. (Eds.). The phylogenetic handbook: a practical approach to DNA and protein phylogeny. 2. ed. Cambridge: Cambridge University Press, p. 615-630. DOI: 10.1017/CBO9780511819049.022.

XIA, X. 2018. DAMBE7: New and improved tools for data analysis in molecular biology and evolution. Molecular Biology and Evolution, Oxford, v. 35, n. 6, p. 1550-1552, DOI: 10.1093/molbev/msy073.

ZANATA, A. M.; VARI, RICHARD, P. 2005. The Family Alestidae (Ostariophysi, Characiformes): a Phylogenetic Analysis of a Trans-Atlantic Clade.. Zoological Journal of the Linnean Society, London, v. 145, p. 1-144.

ZERBINO D, BIRNEY E. 2008. Velvet: Algorithms for de novo short read assembly using de Bruijn graphs. Genome Res 18: 821–829.

ZHANG, J., KAPLI, P., PAVLIDIS, P., & STAMATAKIS, A. (2013) A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. Bioinformatics, 29, 2869–2876.