

## USO DE NOVA ABORDAGEM DE DNA METABARCODING PARA IDENTIFICAÇÃO DE OVOS E LARVAS DE PEIXES

Gabriela Omura da Costa<sup>1</sup>  
Bruno Ferezim Morales<sup>2</sup>  
André Batista Nobile<sup>3</sup>  
Bruno César Rossini<sup>4</sup>  
Diogo Freitas-Souza<sup>5</sup>  
Claudio Oliveira<sup>6</sup>

### RESUMO

A identificação da biodiversidade é essencial para entender processos ecológicos, especialmente no cenário atual. Entretanto, no caso do icteoplâncton, a ausência de caracteres diagnósticos é um fator limitador na identificação morfológica, tornando ferramentas moleculares essenciais. Técnicas modernas de sequenciamento permitem maior eficiência, embora leituras curtas dificultem a identificação das espécies, especialmente quando faltam dados de referência completos. Para superar essa barreira, desenvolvemos novos primers que, junto aos existentes, possibilitam a montagem de sequências completas do gene COI a partir de leituras curtas sobrepostas, melhorando a precisão da identificação molecular. Para avaliar o potencial da técnica de DNA *metabarcoding*, os dados obtidos foram analisados em três diferentes montadores (METASPADES, MEGAHIT E GENEIOUS) e todas suas possíveis combinações, além de comparar resultados gerados pela técnica de DNA *barcoding*. Foram utilizadas amostras de icteoplâncton coletadas no rio Mogi-Guaçu durante quatro ciclos reprodutivos (2015-2019), em seis sítios amostrais. Para verificar a variação da riqueza de espécies recuperadas por montador, ciclo reprodutivo e sítios de amostragem, foram realizadas análises de variância (ANOVA), seguidas de testes *post-hoc* de Tukey. Pelo DNA *barcoding* foram recuperados 40 táxons, 38 nível de espécie, enquanto pelo DNA *metabarcoding* foram recuperados 47 táxons, 40 nível de espécie. Foram verificadas diferenças significativas entre número de espécies recuperadas usando um único montador e as abordagens integradas, usando

---

<sup>1</sup> Doutoranda do Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [gabriela.omura@unesp.br](mailto:gabriela.omura@unesp.br);

<sup>2</sup> Professor da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais - FCBA da Universidade Federal da Grande Dourados - UFDG, [bunomoraes@ufgd.edu.br](mailto:bunomoraes@ufgd.edu.br);

<sup>3</sup> Doutor pelo Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [andrenobile@hotmail.com](mailto:andrenobile@hotmail.com);

<sup>4</sup> Doutor pelo Curso de Ciências Biológicas (Genética) da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [bruno.rossini@unesp.br](mailto:bruno.rossini@unesp.br)

<sup>5</sup> Doutor pelo Curso de Ciências Biológicas (Zoologia) da Universidade Estadual Paulista - UNESP, [souza.d.freitas@gmail.com](mailto:souza.d.freitas@gmail.com)

<sup>6</sup> Professor orientador, Doutor, Universidade Estadual Paulista - UNESP, [claudio.oliveira@unesp.br](mailto:claudio.oliveira@unesp.br).

dois ou mais montadores ( $p < 0,05$ ) e entre os sítios de amostragem seis (6) e os demais sítios ( $p < 0,05$ ). Não houve diferenças significativas na riqueza de espécies observada em função do ciclo reprodutivo. Os resultados destacam o potencial promissor da técnica de DNA *metabarcoding*, dado seu custo reduzido e capacidade de gerar grandes volumes de dados em nível específico, notadamente quando os montadores são utilizados de forma conjugada na recuperação de espécies, proporcionando um banco de dados mais robusto e representativo da ictiofauna.

**Palavras-chave:** Comunidades naturais, Ictioplâncton, Metagenômica, NGS.