

Universidade do Estado do Amazonas
Escola Normal Superior

Estudo biogeográfico de *Scoloplax dicra* Bailey & Baskin, 1976
(Siluriformes: Scoloplacidae)

Manaus – AM
2019

Universidade do Estado do Amazonas
Escola Normal Superior

Jackeline Dos Santos Damasceno

Estudo biogeográfico de *Scoloplax dicra* Bailey & Baskin, 1976
(Siluriformes: Scoloplacidae)

Orientador: Dr. Marcelo Salles Rocha

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Amazonas como requisito para obtenção de título de Licenciado em Ciências Biológicas

Manaus – AM
2019

D155e Damasceno , Jackeline dos Santos
Estudo biogeográfico de Scoloplax dicra Bailey & Baskin, 1976 (Siluriformes: Scoloplacidae) / Jackeline dos Santos Damasceno . Manaus : [s.n], 2019.
24 f.: color.; 30 cm.

TCC - Graduação em Ciências Biológicas - Licenciatura
- Universidade do Estado do Amazonas, Manaus, 2019.

Inclui bibliografia

Orientador: Rocha, Marcelo Salles

1. Divergência. 2. Ictiofauna. 3. barcode. 4. biogeografia. I. Rocha, Marcelo Salles (Orient.). II. Universidade do Estado do Amazonas. III. Estudo biogeográfico de Scoloplax dicra Bailey & Baskin, 1976 (Siluriformes: Scoloplacidae)

Elaborado por Jeane Macelino Galves - CRB-11/463

Jackeline Dos Santos Damasceno

**Estudo biogeográfico de *Scoloplax dicra* Bailey & Baskin, 1976
(Siluriformes: Scoloplacidae)**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Amazonas como requisito para obtenção de título de Licenciado em Ciências Biológicas

Aprovado em ___/___/___

BANCA EXAMINADORA

Dr. Marcelo Salles Rocha

Dra. Cristina Motta Buhrnheim

Dra. Valéria Nogueira Machado

O meu agradecimento especial é destinado à minha mãe por ter sido a pessoa que mais me apoiou, emocional e financeiramente, e me incentivou continuar esta graduação, que foi a minha inspiração e força em todos os momentos.

Ao prof. Dr. Marcelo Salles Rocha, pela orientação, pelo incentivo e sugestões durante todas as etapas.

Aos meus amigos Thais Mayumi Macedo Higa e Fernando Sanches Dos Santos Martins, que me ajudaram imensamente na realização do meu trabalho. Karina Oliveira da Silva e Matheus Raiol Ribeiro por também estarem ao meu lado e sendo meu apoio durante a graduação.

E agradeço a mim por nunca ter desistido mesmo em momentos difíceis.

RESUMO

A bacia Amazônica apresenta uma grande biodiversidade, e abriga uma grande riqueza de espécies da ictiofauna, porém ainda há escassez de informações sobre as relações filogenéticas dentro e entre os muitos grupos de peixes destas áreas. Análises com *DNA Barcode* foi utilizada para a averiguação de divergências entre populações de *Scoloplax dicra* da bacia amazônica. Processos biogeográficos como soerguimento do Andes e mudanças dos cursos dos rios da bacia foram utilizados para tentar explicar tais divergências encontradas.

Palavras-Chave: Divergência; Ictiofauna; barcode; biogeografia

ABSTRACT

Amazon basin has a great biodiversity, and hosts a great richness of ichthyofauna species, but there is still a lack of information on phylogenetic relationships within and among the many fish groups in these areas. Barcode DNA analysis was used to investigate divergences between populations of *Scoloplax dicra* from the Amazon basin. Biogeographic processes such as the uplift of the Andes and changes in the course of the rivers of the basin were used to try to explain such divergences found.

Keywords: Divergence; barcode; biogeographic

LISTAS DE FIGURAS

FIGURA 1: Localização das coletas de <i>S. dicra</i> nos rios Javari, Guaporé e Cautário.....	13
FIGURA 2: Arvore de Inferência Bayesiana gerada no BEAST, Azul: representação das amostras do Cautário. Verde escuro: representação das amostras do Javari. Verde claro: representação da amostra do Guaporé.....	19

LISTAS DE TABELAS

TABELA 1: Distância genética COI (K2P) para espécie, família e ordem.....	16
TABELA 2: Distância genética intraespecífica de <i>S. dicra</i> COI (K2P) para amostras do rio Cautário e Javari.....	16
TABELA 3: Distância genética 16s (K2P) para espécie, família e ordem.....	17
TABELA 4: Distância intraespecífica <i>S. dicra</i> 16s (K2P) para amostras do rio Cautário e Guaporé.....	17

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	11
	1.1 OBJETIVO GERAL.....	12
	1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	12
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	13
	2.1 AMOSTRAS.....	13
	2.2 PROCEDIMENTOS.....	13
	2.2.1 DISTÂNCIA GENÉTICA.....	13
	2.2.2 RECONSTRUÇÃO FILOGENÉTICA.....	14
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	14
	CONCLUSÃO.....	19
4	REFERÊNCIAS.....	21
	Apêndice A.....	24
	Apêndice B.....	25

1. INTRODUÇÃO

Segundo DAGOSTA e de PINNA (2017) a bacia amazônica é o maior sistema hidrográfico do mundo, e pela sua grandeza é conhecida por possuir uma grande biodiversidade. A bacia amazônica está localizada na região Neotropical, que inclui tanto a América Central, quanto a América do Sul, e que abriga uma grande riqueza de espécies da ictiofauna, 5400 espécies registradas, sendo sua estimativa para 8000 a 9000 espécies (REIAS et al., 2016). Especificamente a ictiofauna na bacia amazônica é composta por 2716 espécies validas, incluídas em 529 gêneros, 60 famílias e 18 ordens. (DAGOSTA & de PINNA, 2019). E assim como muitos dos diversos ecossistemas de água doce do mundo, a bacia Amazônica apresenta uma dominância de peixes da superordem Ostariophysi, onde mais de 80% de suas espécies são Characiformes, Siluriformes ou Gymnotiformes (DAGOSTA & de PINNA, 2017)

Dentro desta grande diversidade está a família Scoloplacidae, sendo a sua primeira vez citado como *Bunocephalus* sp por LUNDBERG & BASKIN (1969), seguida posteriormente por uma descrição de BAILEY & BASKIN (1976) como uma nova subfamília Scoloplacinae, pertencente à família Loricariidae, porém após quatro anos ISBRÜCKER (1980) elevou Scoloplacinae ao status de família.

A família está distribuída nos tributários da bacia Amazônica, Paraná e Paraguai (SCHAEFER, 2003), e suas principais características são a presença de pequenos odontoides na parte superior do focinho, a presença de duas series bilaterais de placas ósseas caudal e dorsal, e uma outra seria de placas também entre as nadadeiras caudal e anal, além da presença de barbilhões no maxilar bem desenvolvidos, e principalmente o seu pequeno tamanho, sendo seu maior representante capturado medindo 1,99 cm de comprimento (SCHAEFER, 2003).

No total a família possui 6 espécies, todas pertencentes ao mesmo gênero o *Scoloplax*, sendo a primeira descrita *S. dicra* descrita (BAILEY & BASKIN, 1976); em seguida *S. empousa*, *S. distolothrix* e *S. dolichotophia* foram descritas por SCHAEFER et al., 1979; a quinta *S. baskin* descrita por ROCHA et al. (2008); e por último o *S. baileyi* descrita por ROCHA et al., (2012). *S. dicra* apresenta um par de placas ósseas que suportam poucos

odontodes entre a base da nadadeira pélvica e o ânus, o que a diferencia das demais espécies (SCHAEFER, 1989), e essa espécie foi descrita para o rio Iténez na Bolívia, sendo o rio conhecido no lado brasileiro como rio Guaporé, e há coletas de amostras desses indivíduos no rio Javari, como em demais localidades da bacia. Logo dentro do gênero, o *S. dicra* é a espécie que apresenta a maior distribuição dentro da bacia Amazônica (ROCHA, 2013).

A filogeografia é definida por AVISE et al. (1987) como o estudo dos princípios e processos que determinam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas. Os estudos biogeográficos, tentam explicar como ocorrem os padrões de distribuição das espécies, concomitante com as suas formações através da história geológica e dos eventos evolutivos (POSADAS et al., 2006). Os peixes de água doce são excelentes modelos para realizar estudos biogeográficos, pois apresentam uma dispersão limitada nas bacias de drenagem, que possuem grandes mudanças nas reconfigurações geomorfológicas (WENDT et al., 2019) onde essas mudanças são geradas principalmente pela ativação de falhas neotectônicas no quaternário, como por exemplo, capturas de rios entre drenagens continentais e costeiras e formação de barreiras, causando, respectivamente, conexão e isolamento da linhagem, e também pelas flutuações no nível do mar que promoveram conexões e isolamentos de paleodrenagem durante o Pleistoceno (WENDT et al., 2019). Porém ainda para se conhecer como ocorre a distribuição de peixes na região há grandes obstáculos, que estão relacionados principalmente com a escassez de informações sobre as relações filogenéticas dentro e entre os muitos grupos de peixes destas áreas, e também pela informação fragmentada quanto a diversidade ao nível específico da maior parte dos táxons habitantes desta região (VARI & MALABARBA, 1998). Seguindo este pensamento o trabalho possui o intuito de apontar os processos evolutivos que moldaram a distribuição das populações de *S. dicra* dentro da bacia Amazônica.

1.1 OBJETIVO GERAL

- Investigar o processo de divergência de populações de *Scolopax dicra* nos rios Guaporé, Cautário e Javari

1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Medir se há variabilidade genética dentro das populações isoladas

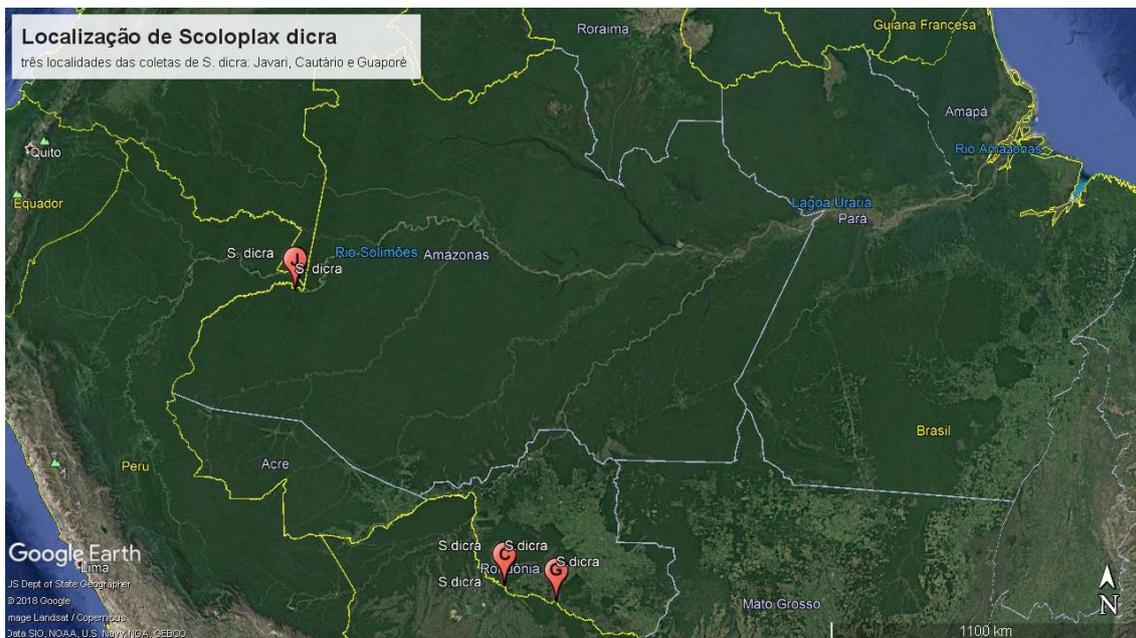
- Aferir a ocorrência de distinção entre as populações isoladas utilizando o método de Barcode

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Amostras

Foram utilizadas para a reconstrução filogenética, 67 amostras de peixes da ordem Siluriformes (Apêndice A), das quais seis são da espécie *Scoloplax dicra*. As amostras de tecidos foram cedidas pela Coleção Zoológica do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), e foram coletadas em pontos do rio Guaporé, Cautário e Javari (figura 1).

Figura 1: Localização das coletas de *S. dicra* nos rios Javari, Guaporé e Cautário.



Fonte: Modificado do Google Earth, 2019

2.2 Procedimentos

As amostras foram sequenciadas utilizando os marcadores mitocondriais Subunidade 1 do citocromo oxidase c – COI e 16s rRNA. Posteriormente as sequências foram editadas no programa Geneious (DRUMMOND et al., 2011) e alinhadas utilizando software Aliview. O modelo evolutivo mais adequado foi escolhido pelo programa MEGA X

2.2.1 Distância Genética

Para calcular as distancias genéticas entre e dentro das populações de *S. dicra*, foi utilizado o programa MEGA X (TAMURA et al., 2018) e o modelo utilizado foi Kimura-2-Parameter (K2P) (KIMURA, 1980).

O método o de *Automatic Barcode Gap Discovery* (ABGD) disponível em <<http://www.wabi.snv.jussieu.fr/public/abgd/abgdweb.html>>, que atua na identificação de clusters de sequências de possíveis espécies, com base em pares de distâncias genéticas e nas diferenças entre as variações intra e interespecíficas (barcoding gap) foram utilizadas como ferramentas online para calcular as distancias usando o Kimura 2- parâmetros (K2P) como modelo de distância (KIMURA, 1980).

2.2.2 Reconstrução Filogenética

A reconstrução filogenética foi realizada utilizando as sequencias de COI e 16S concatenadas (Apêndice A) através do programa MEGA X (TAMURA et al., 2018) e foram definidos os parâmetros por Inferência Bayesiana implementada no programa Beauti v 1.10.4. Como parâmetros foi estimado uncorrelated relaxed molecular clock (lognormal) com a calibração seguindo a datação fóssil de *Corydoras revelatus* (Callichthyidae) com o nó de 55 milhões de anos, estabelecendo assim um offset de 55 MA (ROXO et al 2014), com o modelo Birth-Death sendo o escolhido. Posteriormente para os priors e calibrações realizadas foi rodada a análise para 50 milhões de gerações sendo captadas amostragens a cada mil gerações feitas. A análise dos parâmetros foi feita utilizando o Tracer v.1.6 (RAMBAUT et al., 2014). Foi utilizado o LogCombiner para a execução do burn-in com taxa de 10%. A árvore foi gerada a partir da função de máxima credibilidade de clados disponível no TreeAnnotator 1.10.4 (BOUCKAERT et al., 2014) com a visualização no FigTree 1.4.4 (RAMBAUT et al., 2014).

3. RESULTADOS e DISCUSSÃO

Amostras

Com exceção de duas sequencias que tiveram um tamanho de 430 pb, todas as outras tiveram um tamanho de 436 pb. O modelo evolutivo GTR + G foi o mais adequado após a análise realizada. Todas as espécies analisadas formaram grupos monofileticas (Figura 2).

Distância Genética

As distâncias médias de K2P dentro da espécie, gênero e ordem foram de 11,45%, 16,39 e 23,51% respectivamente (Tabela 1), bem diferente do que foi encontrado por DE CARVALHO et al. (2011), cuja média encontrada para distância dentro da espécie foi de 0,5%, ou de PEREIRA et al. (2011) onde a distância média de K2P dos espécimes dentro das espécies foi de 0,13%, bem menor do que encontrado para *S. dicra*. Para PEREIRA et al. (2013, 2011), HENRIQUES et al. (2015) e WARD et al. (2009), distâncias intraespecíficas médias não ultrapassam 1%, logo vemos que *S. dicra* não segue este padrão para as medias intraespecificas. A característica de apresentar divergencias mais elevadas por *S. dicra* se repetiu também em relação as médias para gênero (apêndice A), onde DE CARVALHO et al. (2011) encontrou para gênero 10,6% e PEREIRA et al. (2011) que foi de 10,36% dentro dos gêneros.

Já para a ordem DE CARVALHO et al. (2011) encontraram o inverso sendo a distância de 24,4%, o interessante neste resultados é que as espécies trabalhadas por DE CARVALHO et al. (2011) são na sua maioria de espécies migratórias e de grande porte, totalmente o inverso das características do *S. dicra*, que é uma espécie de pequeno porte e que vive em pequenos tributários, com características mais sedentárias, sendo esta uma possível explicação para que possua uma divergência bem maior em nível de espécies do que aquela encontrada por ele. Além de que as amostras de *S. dicra* são de populações de rios distantes dentro da bacia amazônica, Javari e Cautário (Figura 1), sendo a distância das populações um fator para que seja ainda maior a sua divergência, pois não estão em contato.

A menor divergência dentro da espécie encontrada foi de 6,59%, (Tabela 1) detectada entre as duas amostras de *S. dicra* coletadas do rio Javari, se comparado com PEREIRA et al. (2011) que encontrou para *Characidium alipioi* uma distância dentro da espécie de 0,1%, um padrão que também se repete para *Geophagus proximus* que também apresenta uma distância de apenas 0,1% dentro de um mesmo cluster, sendo bem menores do que é observado em *S. dicra*, o que também pode ser comparado divergencias que foram detectadas entre *A. bimaculatus lacustris* e *A. bimaculatus* (0%), *Astyanax cf. fasciatus* e *Astyanax rivularis* (0,93%) por DE CARVALHO et al. (2011), que são espécies congênicas. Ainda analisando esta distância mínima pode ser comparado com *Zungaro zungaro* e *Zungaro*

jahu que obtiveram uma distância de 2,6% respectivamente no trabalho realizado por PIRES (2014), onde ele considera uma distância significativa para a diferenciação de espécies, mesmo sendo para uma distância interespecífica de espécies de bacias diferentes. O que mais uma vez comprova que a distância intraespecífica encontrada para *S. dicra* está muita mais elevada do que o encontrado em outros trabalhos, o que porém pode ser dado pelo gap elevado de amostragens entre o rio Guaporé e o rio Javari, gerando assim uma maximização dessas distâncias.

Também foi encontrado uma distância máxima de 16,55% entre amostras coletadas no rio Cautário e rio Javari (Tabela 2), o que pode ser comparado a *Pimelodella vittata* (DE CARVALHO et al, 2011), que apresentam maiores valores observados (10%), também sendo uma espécie de pequeno porte, assim como *S. dicra*, o que ele apresentam sendo um dos fatores possíveis para essa divergência a divisão de clados antigos e a especiação enigmática, e que essa característica de alta divergência genética intraespecífica é observada em várias espécies de pequeno porte.

Tabela 1: Distância genética COI (K2P) para espécie, família e ordem.

	Cautário	Javari	Javari
Cautário			
Javari	11,21%		
Javari	16,55%	6,59%	

Tabela 2: Distância genética intraespecífica de *S. dicra* COI (K2P) para amostras do rio Cautário e Javari.

	Distância mínima (%)	Distância média (%)	Distância Máxima (%)
Dentro da espécie	6,59	11,45	16,55
Dentro do gênero	0,00	16,39	28,15
Dentro da ordem	0,00	23,51	47,91

Para sequências do RNA ribossomal 16s, as distâncias médias de K2P dentro da espécie, gênero e ordem foram de 2,80%, 8,05 e 12,01 respectivamente (Tabela 3), sendo a menor distância observada dentro da espécie *S. dicra* de 0,00% e a maior de 7,00% observada entre as amostras de *S. dicra* coletadas no rio Guaporé e no rio Cautário (Tabela 4)

Tabela 3: Distância genética 16s (K2P) para espécie, família e ordem.

	Cautário	Cautário	Cautário	Guaporé
Cautário				
Cautário	0,00%			
Cautário	0,00%	0,00%		
Guaporé	7,00%	6,98%	6,98%	

Tabela 4: Distância intraespecífica *S. dicra* 16s (K2P) para amostras do rio Cautário e Guaporé.

	Distância mínima (%)	Distância média (%)	Distância máxima (%)
Dentro da espécie	0,00	2,80	7,00
Dentro do gênero	0,00	8,05	15,17
Dentro da ordem	0,00	12,01	27,62

O método de delimitação ABDG formou 26 grupos ao total referente a todas as amostras disponíveis, onde que a partir da sua delimitação com base em pares de distâncias genéticas separou as três amostras de *S. dicra* como sendo cada uma um grupo diferente (Apêndice B), logo sendo assim, a partir da delimitação por gap aponta que essas amostras de *S. dicra* são espécies diferentes.

Reconstrução Filogenética

O resultado da reconstrução filogenética a partir da árvore de inferência bayesiana (Figura 2) mostrou que amostras de *S. dicra* observar nesta reconstrução grupo ficou como grupo irmão das demais espécies da família Scoloplacidae (*S. dolichophi*, *S. empousa*, *S. baskini* e *S. distolothrix*) assim como já tinha sido apresentado por SCHAEFER et al. (1989) e com uma essa separação ocorrido a aproximadamente 53 milhões de anos. Essa separação converge com resultados apresentados por HOORN et al. (2010) que entre aproximadamente 65 a 23 milhões de anos, durante os tempos do Paleogene, ainda ocorria a migração nos rios para o oeste.

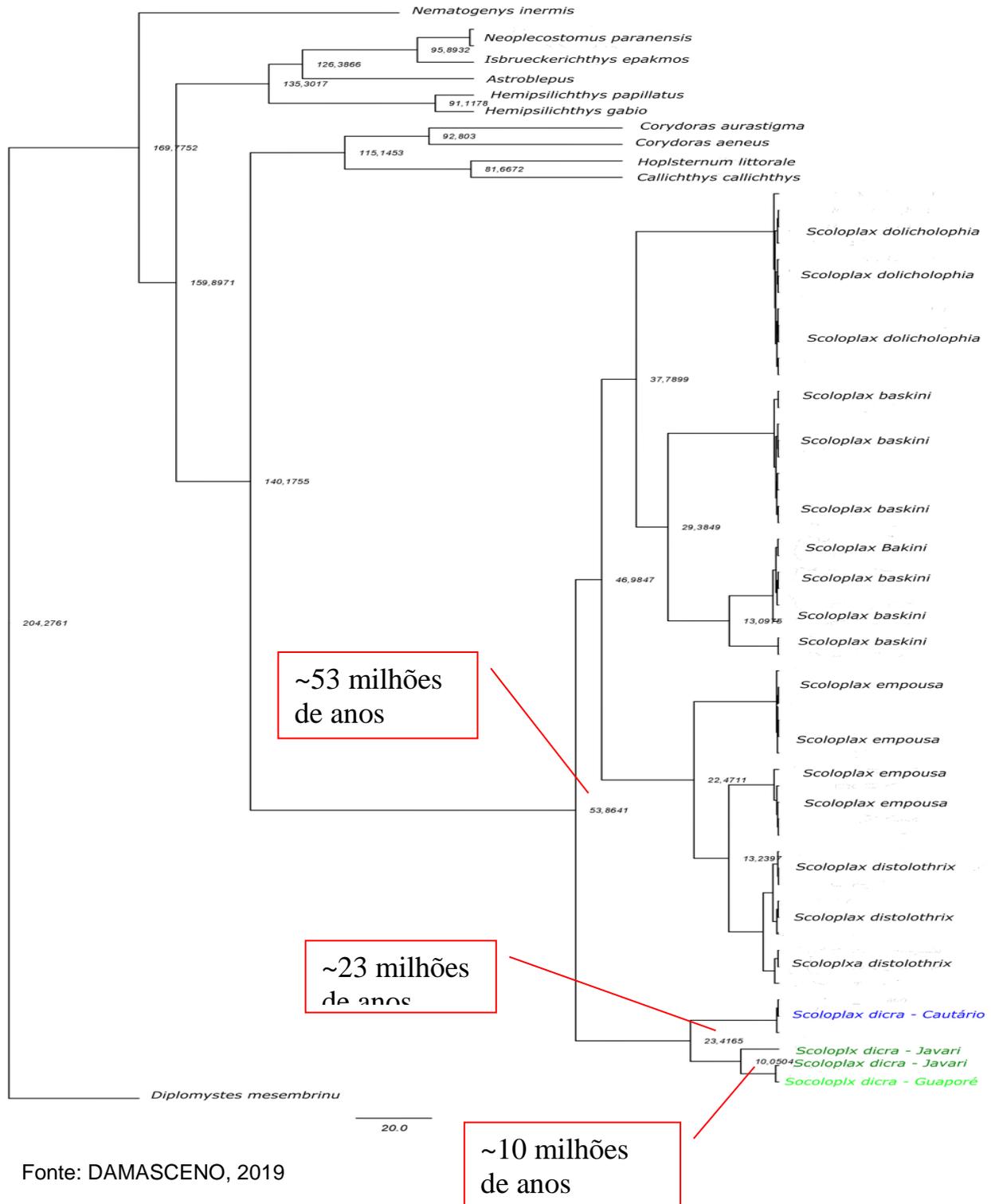
As amostras representantes da população de *S. dicra* são separadas em dois grupos, o primeiro grupo composto pelas amostras do Guaporé e Javari e um segundo apenas pelas amostras do rio Cautário. As amostras

referentes as populações do rio Javari e Guaporé são grupo irmão com uma especiação ocorrida aproximadamente a 10 milhões de anos o que corresponde com os eventos no Plioceno, quando o rio Amazonas começou a escavar o seu atual curso em direção ao leste, entre os planaltos do Brasil e das Guianas, desaguando no oceano Atlântico, que coincidindo com a queda global do nível do mar e o resfriamento do clima (MENIN, 2016; HOORN et al., 2010), logo houve uma diminuição dos níveis dos rios nessa região e fazendo com que os dois rios (Javari e Guaporé) estivessem totalmente isolados um do outro.

As amostras do rio Javari e Guaporé, são grupo irmão das demais amostras pertencentes ao rio Cautário, com essa separação entre a população do rio Guaporé e Javari da população do rio Cautário tendo ocorrido a aproximadamente 23 milhões de anos o que pode corresponder com os eventos de incursões marinhas juntamente com a elevação da cadeia andina contribui significativamente para grandes mudanças hidrológicas, com a grande mudança da fonte dos sedimentos, e nas e mudanças no ambiente durante o Mioceno (HOORN, 1993; RIBEIRO, 2018)

Todas essas separações ocorreram dentro da era Cenozoica, sendo a separação do Cautário de Javari e Guaporé ocorrido mais especificamente durante o Mioceno. Diferente do que foi apontado por LUNDBERG et al. (1998) que apontou que os padrões distribucionais da ictiofauna para a região neotropical tenham sido influenciados desde o período Cretáceo (entre 145 milhões e 65 milhões de anos), e muito da diversificação ocorreu no Cretáceo Superior, logo para o *S. dicra* e até mesmo sendo possível, para sua família Scoloplacidae, essa diversificação tenha vindo a ocorrer posteriormente.

Figura 2 – Arvore de Inferência Bayesiana gerada no BEAST, Azul: representação das amostras do Cautário. Verde escuro: representação das amostras do Javari. Verde claro: representação da amostra do Guaporé



CONCLUSÃO

A espécie *Scoloplax dicra* apresenta distâncias genéticas muito elevadas em comparação com as demais espécies da família, o que mesmo

seguindo o padrão de outros autores para especiação a partir de medias de distâncias intraespecíficas de 1%, não podem ser classificadas como espécies diferentes, devido a falta de maiores amostragens da espécie, ainda mais para esta espécie em específico, que vive em pequenos tributário, com habito de vida sedentário e que é de pequeno porte, logo se é esperado que apresente alta divergência intraespecífica, pois são populações isoladas.

As amostras foram identificadas morfológicamente como *S. dicra*, porém com a análise de ABDG se mostraram como espécies distintas, sendo assim uma grande distinção não só entre as populações, mas também dentro das espécies em um todo, o que se leva juntamente com as altas divergências se há uma necessidade de novas análises taxonômicas para esta espécie. Juntamente com o fator de isoladas geograficamente pelo processo de variância da mudança dos cursos dos rios ocorridas na bacia amazônica durante a era Cenozoica.

4. REFERÊNCIAS

AVISE, J. C., ARNOLD, J., BALL, R. M., BERMINGHAM, E., LAMB, T., NEIGEL, J.E., REEB, C.A., SAUNDERS, N.C. **Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between Population genetics and systematics.** Annual Review of Ecology and Systematics 18, 489-522. 1987.

BAILEY, R.M.; BASKIN, J.N. ***Scoloplax dicra*, a new armored catfish from the Bolivian Amazon.** Occasional Papers of the Museum of Zoology, University of Michigan. vol. 674,1-14p. 1976.

BOUCKAERT, R.R.; HELED, J.; KUHNERT, D.; VAUGHAN, T.; WU, C.H.; XIE, D.; SUCHARD, M.A.; RAMBAUT, A. & DRUMMOND, A.J. **BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis.** PLOS Computational Biology. 2014.

CARVALHO, D. C.; OLIVEIRA, D. A. A.; POMPEU, P. S.; LEAL, C. G; OLIVEIRA, C.; HANNER, R. **Deep barcode divergence in Brazilian freshwater fishes: the case of the São Francisco River basin, Mitochondrial DNA**, 22:sup1, 80-86p. 2011.

DAGOSTA, F. C. P.; PINNA, M. de. **Biogeography of Amazonian fishes: deconstructing river basins as biogeographic units.** Neotropical Ichthyology, 15(3): e170034, 2017.

DAGOSTA, F. C. P.; PINNA, M. de.; **The Fishes of the amazona: Distribution and biogeographical patterns, with a comprehensive list of species.** Bulletin of the american museum of natural history. nº 431, 163 p., 2019.

DRUMMOND, A.J., HO, S.Y.W., PHILLIPS, M.J., RAMBAUT, A. **Relaxed phylogenetics and dating with confidence.** PLoS Biol. 4, 699–710. 2006.

HENRIQUES, J. M; SILVA, G. J. D. C.; ASHIKAGA, F. Y.; HANNER, R.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, C. **Use of DNA barcode in the identification of fish species from Ribeira de Iguape Basin and coastal rivers from São Paulo State (Brazil),** Volume 3: 118–128. 2015.

HOORN, C., WESSELINGH, F. P., HOVOKOSKI, J. & GUERRERO, J. **The Development of the Amazonian Mega-Wetland (Miocene; Brazil, Colombia, Peru, Bolivia).** In **Amazonia, Landscape and Species Evolution: A Look into the Past**, 2010.

HOORN, C., **Marine incursions and the influence of Andean tectonics on the Miocene depositional history of northwestern Amazonia: results of a palynostratigraphic study.** Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology 105, 267e309. 1993.

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

LUNDBERG, J. G. et al. **The stage for Neotropical fish diversification: a history of tropical South American rivers.** In: MALABARBA, L. R. et al (Org.). **Phylogeny and classification of neotropical fishes.** 1. ed. Porto Alegre: Edipucrs, 13-48p. 1998.

PEREIRA, L.H.G., HANNER, R., FORESTI, F., OLIVEIRA, C., **Can DNA barcoding accurately discriminate megadiverse neotropical freshwater fish fauna?** BMC Genet. 14, 20. 2013.

PEREIRA, L. H. G.; MAIA, G. M. G.; HANNER, R.; FORESTI, F; OLIVEIRA, C. **DNA barcodes discriminate freshwater fishes from the Paraíba do Sul River Basin,** São Paulo, Brazil, Mitochondrial DNA, vol. 22 eds. 1, 71-79P. 2011.

PIERANGELI, Maria Aparecida Pereira; EGUCHI, Edson Sadayuki; RUPPIN, Rodrigo Froede; COSTA, Rayan Bruno Ferreira; VIEIRA, Daiane Ferreira. **Teores de As, Pb, Cd e Hg e fertilidade de solos da região do Vale do Alto Guaporé, sudoeste do estado de Mato Grosso.** ACTA AMAZONICA, vol. 39(1): 61–70p, 2009.

PIRES, A. A. A. **Identificação molecular e caracterização de peixes do gênero *Zungaro* (Siluriformes: Pimelodidae) de diferentes bacias hidrográficas.** Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de São Carlos. 2014.

POSADAS, P.; CRISCI, J. V.; KATINAS, L. **Historical biogeography: A review of its basic concepts and critical issues.** J Arid Environ. 66(3):389-403. 2006.

RAMBAUT, A. FigTree v1.4.4. Disponível em <<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>>. 2018.

REIS, R.E.; ALBERT, J.S.; DIDARIO, F.; MINCARONE, M.M.; PETRY, P. & ROCHA, L.A. **Fish biodiversity and conservation in South America.** Journal of Fish Biology, in press. 2016.

RIBEIRO, A. C.; RICCOMINI, C. & LEITE, J. A. D. **Origin of the largest South American transcontinental water divide.** Scientific Reports. 2018.

ROCHA, M. S. **Scoloplacidae.** In. QUEIROZ, Luiz Jardim de. **Peixes do Rio Madeira.** Vol 2, São Paulo, p 196-203. 2013.

ROCHA, M.S.; DE OLIVEIRA, R.R. & RAPP PY-DANIEL, L. ***Scoloplax baskini*: a new spiny dwarf catfish from rio Aripuanã, Amazonas, Brazil (Loricarioidei: Scoloplacidae).** *Neotropical Ichthyology*, 6 (3): 323–328. 2008.

ROCHA, M. S.; LAZZAROTTO, H.; PY-DANIEL. L. R. **A New Species of *Scoloplax* with a Remarkable New Tooth Morphology within Loricarioidea (Siluriformes: Scoloplacidae).** *Copeia*, vol. 4, 670 – 677p. 2012.

ROXO, F. F.; ALBERT, J. S.; SILVA, G. S. C.; ZAWADZKI, C. H.; FORESTI, F.; OLIVEIRAR, C. **Molecular Phylogeny and Biogeographic History of the Armored Neotropical Catfish Subfamilies Hypoptopomatinae, Neoplecostominae and Otothyridae (Siluriformes: Loricariidae)**. PLoS ONE vol. 9, ed. 8, 1-17p. 2014.

SCHAEFER, S.A Scoloplacidae. *In*: REIS, R.E.; KULLANDER, S.O., & FERRARIS, Jr., C.J. (Eds.). **Checklist of the freshwater fishes of South and Central America**. Edipucrs, Porto Alegre. p. 310–311. 2003.

SCHAEFER, S. A., S. H. WEITZMAN & H. A. BRITSKI. **Review of the neotropical catfish genus *Scoloplax* (Pisces: Loricarioidea: Scoloplacidae) with comments on reductive characters in phylogenetic analysis**. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 1989.

TAMURA, K., STECHER, G., PETERSON, D., FILIPSKI, A., KUMAR, S., **MEGAX: Molecular evolutionary genetics analysis version 10.0**. *Mol. Biol. Evol.* 30, 2725–2729. 2018.

WARD R. D.; HANNER, R, HEBERT, P. D. N. **The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL**. *Journal of Fish Biology*, vol. 74 n. 2, 329-56p. 2009.

WENDT, E. W.; SILVA, P. C.; MALABARBA, R.; CARVALHO, T. P. **Phylogenetic relationships and historical biogeography of *Oligosarcus* (Teleostei: Characidae): Examining riverine landscape evolution in southeastern South America**. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. ELSEVIER. 2019

APENDICE A – Lista de espécies da ordem Siluriforme utilizadas

Espécies	Nº de Amostras
<i>Astroblepus GB</i>	1
<i>Callichthys callichthys GB</i>	1
<i>Corydoras aeneus GB</i>	1
<i>Corydoras ourastigma GB</i>	1
<i>Diplomystes mesembrinus GB</i>	1
<i>Hemipsilichthys gobio GB</i>	1
<i>Hemipsilichthys papillatus GB</i>	1
<i>Hoplosternum_littorale GB</i>	1
<i>Isbrueckerichthys epakmos GB</i>	1
<i>Nematogenys inermis GB</i>	1
<i>Neoplecostomus paranensis GB</i>	2
<i>Scoloplax baskini</i>	17
<i>Scoloplax dicra</i>	6
<i>Scoloplax distolothrix</i>	9
<i>Scoloplax dolicholophia</i>	12
<i>Scoloplax empousa</i>	11
Total	67

APENDICE B - Resultados de análise ABGD

Distância Máxima anterior P= 0,001000

Número de Grupos formados = 26

-
- Grupo[1]** n: 1 ;id: *Astroblepus GB*
Grupo[2] n: 1 ;id: *Callichthys callichthys_GB*
Grupo[3] n: 1 ;id: *Corydoras aeneus GB*
Grupo[4] n: 1 ;id: *Corydoras ourastigma GB*
Grupo[5] n: 1 ;id: *Diplomystes mesembrinus GB*
Grupo[6] n: 1 ;id: *Hemipsilichthys gobio GB*
Grupo[7] n: 1 ;id: *Hemipsilichthys papillatus GB*
Grupo[8] n: 1 ;id: *Hoplosternum littorale GB*
Grupo[9] n: 1 ;id: *Isbrueckerichthys epakmos GB*
Grupo[10] n: 1 ;id: *Nematogenys inermis GB*
Grupo[11] n: 2 ;id: *Neoplecostomus paranensis - Neoplecostomus paranensis*
Grupo[12] n: 2 ;id: *S. baskini, Demeni – S. baskini Demeni*
Grupo[13] n: 2 ;id: *S. baskini, Purus – S. baskini Purus*
Grupo[14] n: 2 ;id: *S. baskini, Palhalzinho - S. baskini, Palhalzinho*
Grupo[15] n: 1 ;id: *S. dicra, Cautário*
Grupo[16] n: 1 ;id: *S. dicra, Javari*
Grupo[17] n: 1 ;id: *S. dicra, Javari*
Grupo[18] n: 3 ;id: *S. distolothrix, Altamira - S. distolothrix, Altamira - S. distolothrix, Altamira*
Grupo[19] n: 4 ;id: *S. dolicholophia, SGC - S. dolicholophia, Jufari - S. dolicholophia, Iranduba - S. dolicholophia, Iranduba*
Grupo[20] n: 5 ;id: *S. empousa, Pocone - S. empousa, Miranda - S. empousa Miranda - S. empousa, Miranda - S. empousa, Miranda*
Grupo[21] n: 6 ;id: *S. empousa, Piraveve - S. empousa, Piraveve - S. empousa, Piraveve - S. empousa, Guirai - S. empousa, Guirai - S. empousa, Guirai*
Grupo[22] n: 3 ;id: *S. distolothrix, Alto Xingu - S. distolothrix, Alto Xingu - S. distolothrix, Alto Xingu*
Grupo[23] n: 3 ;id: *S. dolicholophia, Taruma - S. dolicholophia, Taruma - S. dolicholophia, Taruma*
Grupo[24] n: 1 ;id: *S. dolicholophia, Jufari*
Grupo[25] n: 1 ;id: *S. dolicholophia, Iranduba*
Grupo[26] n: 1 ;id: *S. dolicholophia, Iranduba*

Partição 2: encontrado 26 grupos (distância máxima anterior P = 0,001668)

Partição 3: encontrou 22 grupos (distância máxima anterior P = 0,002783)

Partição 4: encontrou 22 grupos (distância máxima anterior P = 0,004642)

Partição 5: encontrado 22 grupos (distância máxima anterior P = 0,007743)

Partição 6: encontrado 21 grupos (distância máxima anterior P = 0,012915)

Partição 7: encontrado 21 grupos (distância máxima anterior P = 0,021544)

Partição 8: encontrado 21 grupos (anterior distância máxima P = 0,035938)

Partição 9: encontrado 21 grupos (distância máxima anterior P = 0,059948)