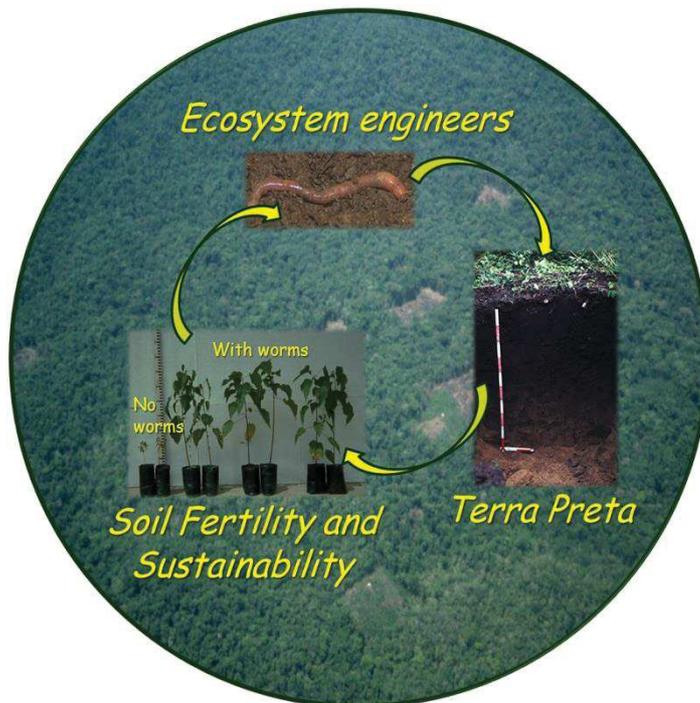


PROMOÇÃO E ORGANIZAÇÃO:



ELAETAO

08 e 09 de junho de 2015



SIMPÓSIO ENGENHEIROS EDÁFICOS, FERTILIDADE DO SOLO E TERRA PRETA DE ÍNDIO (TPI)

10 e 11 de junho de 2015

APOIO:





Potencial do *DNA barcode* para a Taxonomia de Minhocas: Identificação e Conservação de Espécies Brasileiras

Elodie da Silva⁽¹⁾, Samuel Wooster James⁽²⁾, Marcio Gonçalves da Rosa⁽³⁾, Guilherme Schühli⁽⁴⁾, Marie Luise Carolina Bartz⁽⁵⁾, Herlon Nadolny⁽⁶⁾, George Gardner Brown⁽⁴⁾

(1) Pós-doutoranda, bolsista CNPq – Embrapa Florestas, Colombo/PR, Brasil elodie_dasilva@live.fr; (2) University of Iowa, Iowa City, IA, EUA; samuel-james@uiowa.edu; (3) Doutorando da Universidade do Estado de Santa Catarina, Chapecó, SC, tyler001@gmail.com; (4) Pesquisadores, Embrapa Florestas, Colombo/PR, Brasil, guilherme.schuhli@embrapa.br, minhocassu@gmail.com; (5) Professora, Universidade Positivo, Curitiba/PR, Brasil, bartzmarie@gmail.com; (6) Doutorando da Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, herlonnadolny@gmail.com

RESUMO - Das mais de 800 espécies de minhocas estimadas no Brasil, apenas cerca de 250 são conhecidas, deste modo grandes áreas no país continuam com poucos registros de espécies. Considerando as dificuldades taxonômicas enfrentadas para identificar os animais de solo, ferramentas usando DNA podem facilitar e melhorar a exploração da biodiversidade e a sua descrição. Nesse contexto, o DNA *barcoding* é uma iniciativa a nível mundial que busca desenvolver um padrão global em taxonomia e promover a rápida compilação de sequências de alta qualidade em um banco de dados (*Barcode of Life Data Systems* - BOLD). Os objetivos do presente trabalho foram de i) coletar e identificar espécies de minhocas em várias regiões do Brasil com o uso do DNA *barcode* para auxiliar na conservação das espécies brasileiras e ii) enriquecer o banco de dados do projeto BR-BOL (*Brazilian Barcode of Life*) com novas sequências. As minhocas foram coletadas em 112 locais de 2004-2014. As sequências do gene COI obtidas foram separadas em espécies potenciais (MOTUs) segundo a divergência entre as sequências de nucleotídeos e identificadas morfológicamente quando possível. Os 364 indivíduos avaliados foram separados em 149 MOTUs, sendo 37% deles indivíduos únicos. A maioria (55%) era dos gêneros *Fimoscolex* ou *Glossoscolex*, dos quais a maioria é de espécies novas, que ainda precisam ser descritas. O DNA *barcode* permitiu estudar a diversidade de minhocas de modo eficiente e rápido. No Brasil, essa ferramenta é especialmente útil considerando a atual limitação de taxonomistas.