



## XXXV SALÃO de INICIAÇÃO CIENTÍFICA

6 a 10 de novembro

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2023: SIC - XXXV SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2023
<b>Local</b>	Campus Centro - UFRGS
<b>Título</b>	Taxonomia antes, DNA Barcode depois: o problema de identificações imprecisas no BOLD
<b>Autor</b>	BRUNO ROCHA GIOZZA
<b>Orientador</b>	LUIZ ALEXANDRE CAMPOS

O código de barras de DNA como ferramenta auxiliar na identificação de espécies tem sido muito útil, mas problemas de identificação nos bancos de dados podem causar erros. Trabalhos prévios apontam para problemas na identificação de vouchers de percevejos (Hemiptera: Heteroptera) em bases de dados de sequências. No presente trabalho foi validada a identificação morfológica de percevejos Discocephalinae (Pentatomidae) com sequências disponíveis no BOLD Systems. Em seguida, foi testada a eficácia do COI na discriminação de espécies da subfamília. Os dados foram obtidos no BOLD pelo termo “Discocephalinae”, que retornou 228 entradas, 141 com sequências de COI. Apenas entradas com foto de voucher de indivíduos adultos foram selecionadas, e cujas espécies possam ser distinguidas morfológicamente. Para análises de distância intraespecífica, selecionou-se espécies com pelo menos 2 indivíduos. Pelas fotos, foi verificado que 5 indivíduos do gênero *Schraderiellus* possuíam identificações errôneas e foram corrigidas. Em arquivo FASTA, foram incluídas as 23 entradas pós-filtragem representando 8 espécies de 6 gêneros de Discocephalinae. Como grupo externo, foi selecionado *Nezara viridula*. No MEGA 11, as sequências foram alinhadas e o primeiro nucleotídeo de cada sequência foi deletado para colocar em fase. Foram analisadas distâncias entre as sequências, dentro de grupos de espécies e entre os grupos, utilizando o método Kimura 2-parâmetros e gerada uma árvore de máxima verossimilhança. No PhyloSuite foi gerada uma hipótese filogenética utilizando o método bayesiano. Os valores de divergência entre sequências variam entre 0,000 e 0,373. As distâncias entre grupos de espécies variam entre 0,100 e 0,300. As distâncias intraespecíficas variam entre 0,011 e 0,123. As hipóteses filogenéticas trouxeram relações que se aproximam das filogenias dos grupos. Os problemas de identificação em entradas de *Schraderiellus*, se não corrigidos, impossibilitariam utilizar essas sequências para a delimitação de espécies e os cálculos de distâncias.