

A variabilidade do gene citocromo c oxidase subunidade 1 (COX-1) tem sido considerada uma ferramenta útil na identificação de espécies animais. A sequência de um fragmento deste gene (650pb) é chamada de *barcoding*, ou código de barras de DNA. Tal abordagem não foi testada extensivamente em mamíferos, em especial roedores. Este estudo apresenta uma análise preliminar da variabilidade intra- e interespecífica do COX-I na subfamília Sigmodontinae, incluindo 20 táxons das tribos Oryzomyini, Akodontini, Phyllotini, Thomasomyini e gêneros *incertae sedis*. Testou-se a monofilia recíproca das espécies e a presença de um "*barcoding gap*". Foram amplificados e seqüenciados 610pb em 88 espécimes cariotipados e/ou taxidermizados. As sequências foram alinhadas no software Clustal X. Calculou-se matrizes de distância K2P entre e dentro tribos, gêneros e espécies. As relações filogenéticas foram reconstruídas através de neighbour-joining (NJ) e análise bayesiana. A distância média das sequências foi 5.3% (0-0.21) intraespecífico, 18.4% (0.04-0.25) interespecífico, 7.25% (0.02-0.12) intragenérico, 19.2% (0.13-0.26) intergenérico, 9.6% (0.09-0.10) intratribal e 18% (0.16-0.19) intertribal. Os resultados evidenciaram o "*barcoding gap*" em diferentes níveis taxonômicos. Árvores NJ e bayesiana recuperaram a monofilia das espécies e das tribos com alto suporte. A resolução dentro das tribos permanece indefinida. Algumas sequências (6.8%) agruparam com táxons inesperados, revelando prováveis erros de identificação. *Rhagomys rufescens*, *Juliomys pictipes*, *Delomys dorsalis* e *D. sublineatus* apresentaram grande distância dos demais gêneros (média=15%) e não agruparam com nenhuma tribo. Portanto, o *barcoding* é promissor para identificação de espécies de sigmodontíneos. Ainda, o COX-I revelou um inesperado sinal filogenético em níveis taxonômicos profundos, como tribos.