Paola Cristina Roque Lemes

Revisão taxonômica das abróteas do gênero *Urophycis* Gill,
1863 no Atlântico Sul (Gadiformes: Gadidae)

Dissertação apresentada ao Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ciências, área de Oceanografia Biológica.

Orientador: Prof. Dr. Marcelo Roberto Souto de Melo

Universidade de São Paulo
Instituto Oceanográfico

Revisão taxonômica das abróteas do gênero *Urophycis* Gill, 1863 no Atlântico Sul
(Gadiformes: Gadidae)

Paola Cristina Roque Lemes

Dissertação apresentada ao Instituto Oceanográfico da Universidade de São Paulo,
como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ciências, área de
Oceanografia Biológica.

Julgada em: ____/____/____

Prof. Dr.

Conceito

_____

_____

_____

_____

_____

_____

“O que sabemos é uma gota; o
que ignoramos é um oceano.”

Isaac Newton

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida.

Ao meu amigo e orientador Marcelo Melo, por ensinar praticamente tudo o que sei, pela ajuda e parceria de sempre e até pelas eventuais broncas. Foram muitos obstáculos vencidos juntos! Aos funcionários e professores do IOUSP, pelo espaço e pelas amizades proporcionados.

Aos amigos e ICs (ou quase) Thamyres Cavaton, Diego Okuma e Marcelo Giggier pela ajuda nas coletas e em todas as outras etapas do trabalho. À minha xará Paola Sanchez, pelas incontáveis conversas, desabafos e dúvidas esclarecidas. Às queridas amigas Marília, Natália e Julia Molina pela melhor companhia nos perrengues, almoços e desabafos no bandeirão. À Marina Loeb, pelos conselhos, desabafos e pelo ombro amigo sempre que precisei. Você é meu grande exemplo! Às amigas Najila, Ju, Cris e principalmente Millke por toda a ajuda na bancada (e fora dela), vocês são incríveis, ainda não sei como agradecer! Aos anfitriões que gentilmente cederam suas casas e me aceitaram como hóspede durante os trabalhos de campo e demais análises, Gastão (e família), Paula Foltran, Ana Carolina (Galah), Flávia (Klo), Coca e demais roomies da Rep Labirinto e aos queridos Serginho e Beta.

Aos meus queridíssimos amigos da graduação, Victor, Natália, Magaly, Letícia, Cajá e às amigas de infância Ana Flávia e Maira, por estarem longe e perto ao mesmo tempo, sempre presentes de coração e sempre prontos para aquela conversa renovadora. Vocês são meus pilares, a família que pude escolher.

Às minhas amigas, companheiras e ex-companheiras de república Livia Beibe, Livia Keka, Val, Thaizoka e Pri Nanni por aguentarem minhas reclamações diárias, por me darem força e me colocarem para cima, sempre.

Ao meu namorado e melhor amigo João, você trouxe tal leveza à minha vida sem a qual este trabalho não teria sido possível.

À minha família, principalmente ao meu pai, pelo apoio, do seu jeito peculiar, mesmo sem entender muito bem como a vida acadêmica funciona.

Este foi um trabalho conjunto, sem o apoio de vocês nada aconteceria.

Resumo

Urophycis Gill, 1863 é um gênero de peixes marinhos demersais de médio porte, popularmente conhecidos como abróteas, distribuídos ao longo da costa do Atlântico Ocidental, do Canadá à Argentina. Atualmente são reconhecidas sete espécies válidas dentro deste gênero. Apesar de sua importância comercial, até então poucos estudos taxonômicos e biogeográficos haviam sido realizados com estas espécies. Três espécies foram descritas do Atlântico Sul ocidental: *U. brasiliensis* (Kaup, 1858), descrita de Motevideo, Uruguai, *U. latus* Miranda Ribeiro, 1903 e *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903, ambas descritas do Rio de Janeiro, Brasil. *Urophycis mystacea* é morfologicamente semelhante à *U. cirrata* (Goode & Bean, 1896), descrita do Golfo do México nos Estados Unidos, sendo frequentemente confundidas. Os objetivos desta contribuição foram (1) redescrever *U. brasiliensis*, e alocar *U. latus* como um sinônimo júnior ; (2) redescrever *U. cirrata* e alocar *U. mystacea* como um sinônimo júnior; (3) estabelecer diagnoses e mapas de distribuição atualizados para ambas espécies. Tecidos e exemplares foram obtidos com pescadores e em coleções científicas. Foram utilizados métodos tradicionais de morfologia para comparação dos exemplares, além de técnicas de identificação molecular utilizando o gene mitocondrial citocromo oxidase I (COI). Testes para a amplificação da região controle do DNA mitocondrial de *U. brasiliensis* foram realizados e discutidos.

Palavras-chave: Identificação molecular, DNA mitocondrial, citocromo oxidase I, Sudeste do Brasil.

Abstract

Urophycis Gill, 1863 is a genus of marine, demersal, mid-sized fish, popularly known as codlings or hakes, and distributed along the the Western Atlantic coast, from Canada to Argentina. Seven species are currently recognized as valid within this genus. Despite its economical importance, a few taxonomic and biogeographic studies had been carried out with those species. Three species were described from western South Atlantic: *U. brasiliensis* (Kaup, 1858), described from Montevideo, Uruguay, *U. latus* Miranda Ribeiro, 1903 and *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903, both described from Rio de Janeiro, Brazil. *Urophycis mystacea* is morphologically similar to *U. cirrata* (Goode & Bean, 1896), described from Gulf of Mexico, USA, and these species are repeatedly confused. The objectives of this contributions were (1) redescribe *U. brasiliensis*, placing *U. latus* as a junior synonym; (2) redescribe *U. cirrata*, placing *U. mystacea* as a junior synonym; (3) provide updated diagnosis and maps of distributions for both species. Tissues and specimens were obtained from fisherman and scientific collections. Traditional morphological methods were used to compare the specimens, besides molecular identification techniques using the mitochondrial gene cytochrome c oxidase I (COI). Tests for amplification of the DNA mitochondrial control region in *U. brasiliensis* were performed and discussed.

Key words: Molecular identification, mitochondrial DNA, cytochrome oxidase I, Brazilian southeast.

Lista de figuras

- Figura 1. Pontos homólogos representados no corpo e cabeça, utilizados para obtenção dos dados morfométricos. A descrição dos pontos está detalhada na Tabela 1.....59
- Figura 2. *Urophycis brasiliensis*: (A) Lectótipo (MNHN 1996-1375, 331,9 mm CP); (B) holótipo de *Laemonema longifilis* (modificado de Günther, 1880); (C) holótipo de *U. latus* (MNRJ 1523, 186,4 mm CP); (D) exemplar recém coletado (MZUSP 118704, 392,5 mm CP).....60
- Figura 3. Relação entre o (A) filamento pélvico (% CP, N = 31), (B) filamento dorsal (% CP, N = 28) e o comprimento padrão (CP) em *Urophycis brasiliensis*, demonstrando a significância estatística do crescimento alométrico negativo destas estruturas ($p < 0,05$).....61
- Figura 4. Fotografias (acima) e ilustrações (abaixo) do otólito sagitta de *Urophycis brasiliensis* em vista lateral e dorsal (espécime esquerdo 14.5.URBR.RA1G.C.E29/L1.3, 295,0 mm CT; espécime direito 4.5.URBR.RA1G.CR.E2/L2.1, 466,0 mm CT). 62
- Figura 5. Mapa da distribuição conhecida de *Urophycis brasiliensis*. Pontos pretos representam o material comparativo; a estrela verde indica a localidade tipo de *U. brasiliensis*; o losango rosa indica a localidade tipo de *Laemonema longifilis*; e o triângulo vermelho indica a localidade tipo de *U. latus*. Apenas os estados brasileiros onde a espécie ocorre estão indicados na figura. Abreviação: OAS = Oceano Atlântico Sul. 63
- Figura 6. *Urophycis cirrata*: (A) Holótipo (USNM 35059, 305,3 mm CP, adaptado de Raredon, S., National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, disponível em: <http://n2t.net/ark:/65665/3730570f4-34e6-47bf-85ed-a8d2490da68e>); (B) Lectótipo de *U. mystacea* (MNRJ 1709, 235,0 mm CP, adaptado de Brito, V.); (C) exemplar recém coletado (MZUSP 118705, 387,0 mm CP). 64
- Figura 7. Mapa da distribuição conhecida de *Urophycis cirrata*. Pontos pretos indicam o material comparativo; a estrela verde indica a localidade tipo de *U. cirrata*; o triângulo vermelho indica a localidade tipo de *U. mystacea*. Abreviações: OAN = Oceano Atlântico Norte, OAS = Oceano Atlântico Sul, TT = Trinidad & Tobago. 65
- Figura 8. Topologia inferida utilizando as análises de Máxima Verossimilhança e Bayesiana. Ambas agruparam, com forte suporte estatístico, exemplares de *U. cirrata* das três localidades.....66
- Figura 9. Filogenia de *Urophycis* inferida utilizando Máxima Verossimilhança e Análise Bayesiana. Apenas valores de bootstrap > 70% e probabilidade posterior > 0,70 estão mostrados na figura. 67
- Figura 10. Localização dos pontos de coleta de *Urophycis brasiliensis* ao longo da costa brasileira. 68

Figura 11. Classificação de Teletchea *et al.*, 2006. Gadidae: ABD CD; Gadinae: A; Lotinae: B; Gaidropsarinae: C; Phycinae: D; Merluccidae: E. 69

Figura 12. Alinhamento de sequências de partes do genoma mitocondrial (A: tRNA-Pro; B: tRNA-Phe) de espécies de Gadiformes disponíveis no GenBank. As letras indicam nucleotídeos (A = adenina, T = timina, C = citosina, G = guanina) que variam de acordo com as mudanças encontradas entre as espécies. Os pontos indicam a não variação da base, de acordo com a sequência da primeira espécie listada. * Sequência reverse complementar do primer H17Phe. O retângulo cinza destaca a posição da sequência do primer no alinhamento. 70

Figura 13. Testes iniciais com os primers DLAD/DLBD. A e B: Taq PHT, anelamento a 50°, 1,0 ul de DNA. C e D: Taq Platinum, anelamento a 50°, 1,0 ul de DNA. E: Taq PHT, anelamento a 52°, 2,0 ul de DNA. F: Taq Platinum, anelamento a 52°, 2,0 ul de DNA. 71

Figura 14. Testes com diferentes rampas de temperatura, utilizando 1,0 ul de DNA. A: Taq PHT e B: Taq Platinum; rampa de temperatura: 5 ciclos a 48° (45 segundos) seguidos por 30 ciclos a 54° (45 segundos). C: Taq PHT e D: Taq Platinum; rampa de temperatura: 30 ciclos a 54° (45 segundos) seguidos por 5 ciclos a 48° (45 segundos). 71

Figura 15. Testes utilizando Taq PHT e 2,0 ul de DNA. A: primers L19ProGm/L17Phe; B: L19ProGm/HDL4. 72

Figura 16. Resultados positivos revelados no teste de primers. Reação preparada utilizando Taq PHT e 2,0 ul de DNA. 72

Figura 17. Eletroferograma bruto de sequências obtidas utilizando os primers DLAD/DLBD. A: sequência forward; B: sequência reverse. 73

Figura 18. Eletroferograma bruto de sequências obtidas utilizando os primers FTTF (A) e F12R (B). Melhores resultados observados entre as amostras sequenciadas. 74

Figura 19. Contig das sequências F e R ilustradas na figura 18. 74

Lista de tabelas

Tabela 1. Definição dos pontos homólogos (Fig. 1).....	75
Tabela 2. Dados morfométricos de <i>Urophycis brasiliensis</i>	76
Tabela 3. Dados morfométricos de <i>Urophycis cirrata</i>	77
Tabela 4. Distâncias genéticas (K2P) entre grupos de exemplares com diferentes locais de coleta, expressas em porcentagem, na diagonal inferior. Valores em vermelho na diagonal superior representam o desvio padrão. Abreviações: ARG=Argentina; BR=Brasil; GM=Golfo do México.	78
Tabela 5. Distâncias genéticas (K2P) entre sete exemplares do gênero <i>Urophycis</i> expressas em porcentagem na diagonal inferior. Valores em vermelho na diagonal superior representam o desvio padrão.	78
Tabela 6. Localidades e número de exemplares de <i>Urophycis brasiliensis</i> coletados. ...	79
Tabela 7. Primers utilizados para os testes de amplificação da região controle.	79

Sumário

Introdução Geral	1
Área de Estudo.....	6
Objetivos	6
Referências	7
Capítulo 1. Redescrição de <i>Urophycis brasiliensis</i> (Kaup, 1858), um sinônimo sênior de <i>Urophycis latus</i> Miranda Ribeiro, 1903 (Gadiformes: Gadidae)	13
1.1 Resumo	13
1.2 Introdução	14
1.3 Material e métodos	15
1.4 Resultados	15
1.4.1 Redescrição	15
1.5 Discussão	20
1.6 Agradecimentos.....	20
1.7 Referências	21
Capítulo 2. <i>Urophycis mystacea</i> Miranda Ribeiro, 1903, um sinônimo júnior de <i>Urophycis cirrata</i> (Goode & Bean, 1896) (Gadiformes: Gadidae)	25
2.1 Resumo	25
2.2 Introdução	26
2.3 Material e Métodos	27
2.3.1 Análises morfológicas	27
2.3.2 Coleta de amostras para análises moleculares	28
2.3.3 Extração do material genético, amplificação e sequenciamento.....	29
2.3.4 Análise das sequências.....	29
2.4 Resultados	30
2.4.1 Análises morfológicas	30
2.4.2 Análises moleculares	32
2.5 Discussão.....	33
2.6 Agradecimentos.....	35
2.7 Referências	36
Capítulo 3. Práticas para amplificação da região controle do DNA mitocondrial da abrótea <i>Urophycis brasiliensis</i> (Kaup, 1858)	41
3.1 Resumo	41
3.2 Introdução	42

3.3 Material e Métodos	44
3.3.1 Coleta de amostras	44
3.3.2 Extração do material genético	44
3.3.3 Amplificação	44
3.3.4 Sequenciamento.....	47
3.4 Resultados	47
3.4.1 Amplificações	47
3.4.2 Sequenciamentos	49
3.5 Discussão	50
3.6 Agradecimentos	51
3.7 Referências.....	51
4. Considerações finais	57
5. Lista de figuras	59
6. Lista de tabelas	75

Introdução Geral

A ordem Gadiformes compreende mais de 500 espécies de peixes que habitam todos os oceanos, desde ambientes costeiros até a zona abissal, incluindo uma espécie tradicionalmente marinha, porém com populações bem definidas em rios americanos, *Microgadus tomcod* (Walbaum, 1792), e uma espécie estritamente de água doce, *Lota lota* (Linnaeus, 1758) (Nelson, 2006; Wirgin *et al.*, 2011). A ordem inclui diversas espécies de elevada importância comercial, entre as quais se destacam o bacalhau (*Gadus* spp.), a polaca (*Theragra* spp.), as merluzas (*Merluccius* spp.) e os eglefins ou arincas (*Melanogrammus* spp.), que juntos representam aproximadamente 18% do total de peixes marinhos capturados no planeta (Endo, 2002; FAO, 2016; Roa Varon & Ortí, 2009).

A composição e as relações entre os Gadiformes têm sido estudadas desde o início do século XX baseadas principalmente em caracteres osteológicos. Regan (1903) e Svetovidov (1948) reconhecem três e quatro famílias, respectivamente, sendo que Svetovidov considera a existência de duas subordens, Muraenolepidoidei e Gadoidei. Baseado principalmente na osteologia dos arcos branquiais, coluna vertebral e nadadeiras verticais, Markle (1989) distingue quatro subordens: Ranicipitoidei, Melanonoidei, Macrouroidei e Gadoidei, compreendendo treze famílias. Howes (1990, 1993) reconhece também treze famílias, porém diferentes subordens: Melanoidei, Macrouroidei e Gadoidei, considerando o monofiletismo de Gadoidei caracterizado pela fusão dos hipurais superiores em uma única estrutura. Endo (2002), em consenso com Howes (1993), reconhece as mesmas três subordens, porém atribui o monofiletismo de Gadoidei à presença dos ossos X e Y na nadadeira caudal. Segundo Endo (2002), Gadoidei é composta por oito famílias: Macruronidae, Moridae, Gadidae, Merluccidae, Euclichthyidae, Muraenolepididae, Bregmacerotidae e Ranicipitidae. Apesar destes estudos, e até o final dos anos 2000, o histórico da composição e classificação hierárquica dos Gadiformes era considerado extremamente complexo e controverso, não havendo sinapomorfias que sustentassem seu monofiletismo, ainda que a ordem fosse inquestionavelmente aceita como válida dentro de Paracanthopterygii (Marshall & Cohen, 1973; Lauder & Liem, 1983; Cohen, 1984; Fahay & Markle, 1989; Patterson & Rosen, 1989; Howes, 1993; Endo, 2002).

Na hipótese filogenética mais recente incluindo os representantes do grupo (Varón & Ortí, 2009), em que foram realizadas análises moleculares de DNA nuclear

e mitocondrial, o monofiletismo de Gadiformes foi fortemente corroborado, bem como a existência de três subordens: Muraenolepidoidei, Macrouroidei e Gadoidei. Nesta hipótese, é proposto que Gadoidei é constituída por dois clados principais, o primeiro contendo Moridae e duas subfamílias usualmente alocadas em Macrouridae (Trachyrincinae e Macrouroidinae), e o segundo contendo as famílias Merlucciidae, Melanonidae, Euclichthyidae, Ranicipitidae, Bregmacerotidae e Gadidae.

A família Gadidae contém a maioria das espécies comercialmente importantes e seus representantes habitam desde regiões costeiras e de plataforma continental até regiões de talude, principalmente no Atlântico Norte. Apesar de ser uma das famílias de peixes mais estudadas devido à importância econômica, sua composição e classificação nunca foram firmemente estabelecidas (Bakke & Johansen, 2005; Carr *et al.*, 1999; Cohen *et al.*, 1990; Dunn, 1989; Teletchea *et al.*, 2006; Roa Varón & Ortí, 2009).

Svetovidov (1948) considerava como características chaves para a classificação de Gadidae o número de nadadeiras dorsais e anais e a distância entre ambas. Sua classificação baseada principalmente nestes caracteres reconheceu três subfamílias (Lotinae, Gadinae e Merluccinae) e 22 gêneros, separados em espécies com uma, duas ou três nadadeiras dorsais e anais com diferentes graus de separação.

Markle (1982), utilizando uma abordagem cladística e através de caracteres merísticos e ontogenéticos, propôs uma classificação que inclui 21 gêneros, separando Lotinae em duas subfamílias, Lotinae e Phycinae, e considerando Merluccidae como uma família válida. Estudos posteriores (*e.g.*, Fahay & Markle, 1984; Dunn & Matarese, 1984) incrementaram a classificação de Markle (1982) principalmente através da descrição de estágios larvais dos táxons analisados. Cohen *et al.* (1990), em um dos principais e mais detalhados trabalhos sobre o grupo, o Catálogo de Espécies da FAO, baseou-se também principalmente na classificação de Markle (1982), com a adição de três gêneros em Merlucciidae. Várias classificações posteriores foram propostas utilizando caracteres morfológicos adicionais (Dunn, 1989), e diferentes abordagens, como anatomia comparada de musculatura e ligamentos (Howes, 1991a) e caracterização de otólitos (Nolf & Steurbaut, 1989), porém sem chegar a um consenso. Em sua análise de anatomia comparada, Howes (1991a) dividiu Gadidae em seis outras famílias, entre estas, Lotidae e Phycidae. Howes (1993) e Nelson (1994) resumiram os estudos

anteriores, também considerando Phycidae uma família válida. Apesar das controvérsias, o monofiletismo de Gadidae é corroborado por todas estas classificações.

Nos últimos 20 anos, foram realizados alguns trabalhos de filogenia molecular abrangendo essencialmente as relações entre espécies dentro da subfamília Gadinae (e.g. Bakke & Johansen, 2005; Carr *et al.*, 1999; Pogson & Mesa, 2004). Análises mais amplas, incluindo todos os representantes da família e utilizando caracteres morfológicos (Endo, 2002) e análises moleculares (Roa Varón & Ortí, 2009) demonstraram suporte fortemente corroborado para Phycinae como subfamília de Gadidae. A classificação de Teletchea *et al.* (2006) é considerada uma das mais consistentes por utilizar análise molecular de DNA mitocondrial conjuntamente com 30 caracteres morfológicos e incluir todos os táxons usualmente alocados em Gadidae. Este trabalho reconhece Phycinae como subfamília de Gadidae, e como um grupo monofilético sustentado por três sinapomorfias: (1) redução do número de raios da nadadeira pélvica nos adultos com relação às larvas; (2) otólito possuindo ostium e cauda fusionados formando um sulco e (3) tênue segmento de músculo epaxial inserido na face medial do opérculo.

No Brasil, foi registrada a ocorrência de seis famílias (Bregmacerotidae, Macrouridae, Melanonidae, Merlucciidae, Moridae e Gadidae) e 50 espécies de Gadiformes (Lemes & Melo, 2016). As famílias Merlucciidae e Gadidae destacam-se por sua importância econômica, representando uma parcela significativa da pesca extrativa marinha principalmente no Brasil e Argentina (Lloris *et al.*, 2003). Representantes da família Gadidae, os peixes do gênero *Urophycis* Gill, 1864 são popularmente conhecidos no Brasil como abrótea, pescada-abrótea ou bacalhau-brasileiro. De acordo com Eschmeyer & Fricke (2016), o gênero é composto por sete espécies válidas de peixes marinhos de médio porte: *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858); *U. chuss* (Walbaum, 1792); *U. cirrata* (Goode & Bean, 1896); *U. earllii* (Bean, 1880), *U. floridana* (Bean & Dressel, 1884); *U. regia* (Walbaum, 1792); e *U. tenuis* (Mitchill, 1814).-

As espécies encontram-se distribuídas ao longo da costa do Atlântico Ocidental, do Canadá à Argentina. *Urophycis chuss*, *U. earllii*, *U. floridana*, *U. tenuis* e *U. regia* têm ocorrência restrita ao Atlântico Norte ocidental, entre a Península do Labrador, no Canadá, e o Golfo do México (Cohen, 1990; Musick, 1971; Robins & Ray, 1986). Apenas duas espécies são reconhecidas para o Atlântico Sul ocidental,

U. brasiliensis, e *U. cirrata*, entre o sul do Estado do Espírito Santo e o norte da Argentina (Cohen, 1990; Cousseau, 1993; Melo *et al.*, 2010; Menezes *et al.*, 2003).

As abróteas são peixes demersais, encontrados na plataforma externa e talude continental superior. *Urophycis brasiliensis* é uma espécie típica da plataforma continental, sendo que os indivíduos adultos ocorrem entre 50 e 100 metros de profundidade e os juvenis em águas mais rasas, na faixa dos 30 metros de profundidade (Cohen, 1990; Costa *et al.*, 2007; Cousseau, 1993). Já *U. cirrata*, também conhecida como abrótea de profundidade, é uma espécie de águas mais profundas, restrita à plataforma externa e porção superior do talude continental, além dos 90 metros (Costa *et al.*, 2007; Haimovici *et al.*, 2008).

No Brasil, as abróteas representam importante recurso pesqueiro, principalmente na região Sul e Sudeste, estando entre as 20 principais espécies descarregadas nos desembarques no estado de São Paulo. *Urophycis brasiliensis* representou uma das cinco espécies mais abundantes encontradas no talude superior, até a profundidade de 200 m, durante a realização dos arrastos de fundo do programa REVIZEE – Score Central, que abrangeu a região entre Salvador – BA e Cabo de São Tomé – RJ (13°S a 22°S, Costa *et al.*, 2007). *Urophycis cirrata* é uma das espécies mais abundantes no talude superior da região sudeste-sul do Brasil. Durante os cruzeiros de prospecção pesqueira do Programa REVIZEE – Score Sul, que abarcou a região entre Cabo Frio – RJ e Chuí – RS (23°S a 34°S), a espécie ocupou o terceiro lugar em frequência de ocorrência e o sexto lugar em biomassa na pesca com redes de arrasto de fundo. Na pesca com espinhel de fundo, *U. cirrata* foi a segunda espécie mais capturada (Peres & Haimovici, 1998; Haimovici *et al.*, 2006, 2008).

Não há monitoramento detalhado da pesca das duas espécies ao longo dos anos. Há publicações contendo estatísticas pesqueiras para a captura de abrótea no período de 1975 até meados da década de 1990, em todos os estados das regiões Sul e Sudeste. Após este período para os estados de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, há dados disponíveis em meios de ampla divulgação, porém não há dados concretos para os outros estados. Segundo um levantamento feito com informações do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBIO), houve um aumento considerável da captura no início dos anos 2000, com pico em 2002 atingindo mais de 8 mil toneladas (Andrade *et al.*, 2005; ICMBio, 2016).

Um fato crucial que dificulta a correta avaliação do progresso das capturas é a não discriminação entre as duas espécies nos portos de desembarque, sendo *U. brasiliensis* e *U. cirrata* contabilizadas na mesma categoria de pescado. No entanto a captura de *U. cirrata* não era significativa até o final dos anos 1990, visto que a exploração de recursos além dos 200 metros de profundidade, área de ocorrência da espécie, era inexpressiva (Haimovici *et al.*, 2006). Alguns autores (e.g., Andrade *et al.*, 2005) sugerem que os desembarques de *U. brasiliensis* permaneceram estáveis até meados de 1992, aumentando até o final daquela década em vista da diminuição da ocorrência de recursos mais valiosos.

No início dos anos 2000, com a expansão da frota de barcos arrasteiros operando na plataforma externa e talude superior, observa-se uma tendência crescente da exploração de diversos recursos demersais, aumentando substancialmente a captura de *U. cirrata* (Andrade *et al.*, 2005; Haimovici *et al.*, 2006; Valentini & Pezzuto, 2006). O aumento da exploração foi facilitado ainda mais pela implementação de políticas de arrendamento de barcos estrangeiros para diversas modalidades de pesca, que somados à frota nacional já operante, favoreceu o crescimento de capturas não sustentáveis (Haimovici & Peres, 2005; Ávila Da Silva & Haimovici, 2005; Perez *et al.*, 2002, 2003).

Estudos direcionados às espécies de *Urophycis* no Brasil tiveram início nos anos 2000, durante a execução do Projeto REVIZEE, período em que foram realizadas pesquisas envolvendo principalmente aspectos de dinâmica populacional e de estoque. Andrade *et al.* (2004), Martins & Haimovici (2000) e Balbi (2013) efetuaram estudos de idade e crescimento envolvendo as duas espécies do gênero, evidenciando resultados similares para ambas, como crescimento diferenciado entre machos e fêmeas, sendo que estas atingem comprimentos maiores e são mais abundantes nas regiões tradicionalmente exploradas pela frota pesqueira, estando mais suscetíveis a captura. Santificetur (2013) analisou a estrutura populacional de *U. cirrata* no Sudeste do Brasil através da caracterização morfológica e análise de isótopos estáveis em otólitos, encontrando indícios de um segundo morfotipo do otólito sagitta dentro da população, porém a existência de populações diferentes não pôde ser confirmada. Diagnósticos de estoque para as duas espécies foram executados por Andrade *et al.* (2005) e Haimovici *et al.* (2005), expondo capturas não sustentáveis antes mesmo da expansão da pesca naquela década. Ainda assim, a literatura carece de informações detalhadas sobre a taxonomia e

distribuição geográfica destas espécies. Os autores argumentam problemas nas amostragens, evidenciando as consequências da falta de monitoramento contínuo da pesca e sugerem que estudos adicionais sejam realizados (e.g., Andrade *et al.*, 2005; Cohen, 1990; Cousseau, 1993; Haimovici, 2006).

Para o artigo “Redescritção de *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858), um sinônimo sênior de *Urophycis latus* Miranda Ribeiro, 1903”, primeiro capítulo deste trabalho, houve a colaboração de César Santificetur, que realizou a descrição morfológica e a preparação das imagens dos otólitos sagittae de *Urophycis brasiliensis*; e de Marina Vianna Loeb, que colaborou com a realização de medidas e a preparação do protocolo de medidas e contagens para espécies do gênero *Urophycis*.

Área de Estudo

A região de estudo compreende grande parte da plataforma continental e talude superior da região Sudeste e Sul do Brasil, entre o município do Rio de Janeiro – RJ e o município de Chuí – RS entre as latitudes 23° S e 34° S.

Quanto à relação temperatura-salinidade, duas massas de água distintas podem ser identificadas na região, a Água Subantártica de Plataforma, derivada da diluição de Água Subantártica pela precipitação, e a Água Subtropical de Plataforma, uma modificação da Água Central do Atlântico Sul (ACAS) pelo escoamento vindo do continente. Adicionalmente, há uma diluição substancial das águas da plataforma superior devido à descarga de efluentes do Rio Del Plata. Três massas d'água direcionam o fluxo de sedimentos na plataforma em diferentes períodos do ano, a Água Central do Atlântico Sul (ACAS) e a Água Costeira (AC), entre Novembro e Março, e a Água Tropical (AT) de Março a Novembro. Nas camadas mais superficiais, a costa da região também é fortemente influenciada pela Corrente do Brasil. A fauna local sofre ação direta destes fatores, devido à variação do aporte de nutrientes e alteração na temperatura da massa de água ao longo do ano (Mahiques *et al.*, 2004; Miloslavich *et al.*, 2011; Piola *et al.*, 2000).

Objetivos

Os objetivos gerais deste trabalho foram: realizar a revisão taxonômica das duas espécies do gênero que ocorrem no Atlântico Sul Ocidental, utilizando dados morfológicos e moleculares; e testar mecanismos de amplificação da região controle em *U. brasiliensis*.

Objetivos específicos:

- Revisão taxonômica de *Urophycis brasiliensis*, sua redescritção e alocação como sinônimo sênior de *U. latus* por meio de análises morfológicas;
- Definir os limites taxonômicos e de distribuição de *U. cirrata* e sua alocação como sinônimo sênior de *U. mystacea*, por meio de comparações morfológicas e análise do gene mitocondrial citocromo oxidase I (COI);
- Testar mecanismos de amplificação da região controle do DNA mitocondrial em *U. brasiliensis* utilizando primers descritos em literatura.

Referências

- ANDRADE, H.A.; DUARTE PEREIRA, M.; ABREU SILVA, J.L. 2004. Idade e crescimento da abrótea (*Urophycis brasiliensis*) capturada no Sul do Brasil. Notas Técnicas FACIMAR, v. 8, p. 107-117.
- ANDRADE, H.A.; LUCATO, S.H.B.; SOARES, G.S. 2005. *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858). In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das principais pescarias comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo: Instituto Oceanográfico – USP (Série de Documentos Revizee: Score Sul), v. 1, p. 167-173.
- ÁVILA-DA-SILVA, A.O.; HAIMOVICI, M. 2005. *Lopholatilus villarii* (Miranda-Ribeiro, 1915). In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 74-80.
- BAKKE, I.; JOHANSEN, S.D. 2002. Characterization of mitochondrial ribosomal RNA genes in Gadiformes: sequence variations, secondary structural features, and phylogenetic implications. Mol. Phylogenet. Evol., v. 25, p. 87-100.
- BAKKE, I.; JOHANSEN, S.D. 2005. Molecular phylogenetics of Gadidae and related Gadiformes based on mitochondrial DNA sequences. Mar. Biotech., v. 7, p. 61-69.
- BALBI, T.J. 2013. Idade e crescimento da abrótea-de-profundidade – *Urophycis mystacea* Ribeiro, 1903 (Teleostei: Phycidae) na plataforma continental externa e talude do Sudeste-Sul brasileiro. Dissertação de mestrado. Universidade de São Paulo, Instituto Oceanográfico, Departamento de Oceanografia Biológica, 207p.
- CARR, S.M.; KIVLICHAN, D.S.; PEPIN, P.; CRUTCHER, D.C. 1999. Molecular systematics of gadid fishes: implications for the biogeographic origins of Pacific species. Can. J. Zool., v. 77, p. 19-26.
- COHEN, D.M. 1984. Gadiformes: overview. In: MOSER, H.G., RICHARDS, W.J., COHEN, D.M., FAHAY, M.P., KENDALL, A.W., RICHARDSON, S.L. (Eds). Ontogeny and Systematics of Fishes (Based on an International Symposium Dedicated to the Memory of Elbert Halvor Ahlstrom). Lawrence, Kansas, USA, American Society of Ichthyologists and Herpetologists, p. 259-265.

- COHEN, D.M.; INADA, T.; IWAMOTO, T.; SCIALABBA, N. 1990. FAO species catalogue. Vol. 10. Gadiform fishes of the world (Order Gadiformes). An annotated and illustrated catalogue of cods, hakes, grenadiers and other gadiform fishes known to date. Rome: FAO Fisheries Synopsis, No. 125, v.10, 442 p.
- COSTA, P.A.S.; OLAVO, G.; MARTINS, A.S. 2007. Biodiversidade da fauna marinha profunda na costa central brasileira. Rio de Janeiro: Museu Nacional (Série Livros; 24) 184 p.
- COUSSEAU, M.B. 1993. Las especies del orden gadiformes del Atlantico sudamericano comprendido entre 34°S y 55°S y su relación con las de otras areas. Frente Marítimo, v. 13, p. 7-102.
- DUNN, J.R. 1989. A provisional phylogeny of gadoid fishes based on adult and early life-history characters. *In*: COHEN, D.M. (ed), Papers on the systematics of gadiform fishes. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 209-235.
- DUNN, J.R.; MATARESE, A.C. 1984. Gadidae: development and relationships. *In*: MOSER, H.G.; RICHARDS, W.J.; COHEN, D.M.; FAHAY, M.P.; KENDALL, A.W.; RICHARDSON, S.L. (Eds). Ontogeny and Systematics of Fishes (Based on an International Symposium Dedicated to the Memory of Elbert Halvor Ahlstrom). Lawrence, Kansas, USA: American Society of Ichthyologists and Herpetologists, p. 283-299.
- ENDO, H. 2002. Phylogeny of the order Gadiformes (Teleostei, Paracanthopterygii). Hokkaido University: Mem. Grad. Sch. Fish. Sci., v. 49, p. 75-149.
- ESCHMEYER, W.N.; FRICKE, R. 2016. Catalog of Fishes electronic version. Disponível em: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp> (acessado em 20 de Outubro 2016)
- FAHAY, M.P., MARKLE, D.F. 1984. Gadiformes: development and relationships. *In*: MOSER, H.G.; RICHARDS, W.J.; COHEN, D.M.; FAHAY, M.P.; KENDALL, A.W.; RICHARDSON, S.L. (Eds). Ontogeny and Systematics of Fishes (Based on an International Symposium Dedicated to the Memory of Elbert Halvor Ahlstrom). Lawrence, Kansas, USA: American Society of Ichthyologists and Herpetologists, p. 265-283.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION (FAO) 2016. The State of World Fisheries and Aquaculture-Sofia 2016. FAO, Rome.
- HAIMOVICI, M.; PERES, M.B. 2005. *Polyprion americanus* Bloch & Schneider, 1801. *In*: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 124-131.
- HAIMOVICI, M.; ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B.; BERNARDES, R.A.; FISCHER, L.G.; VOOREN, C.N.; SANTOS, R.A.; RODRIGUES, A.R.; SANTOS, S. 2008. Prospecção pesqueira de espécies demersais com rede de

arrasto de fundo na Região Sudeste-Sul do Brasil. São Paulo: Instituto Oceanográfico. 185 p.

- HAIMOVICI, M; ÁVILA-DA-SILVA A. O.; FISCHER L. G. 2006. Diagnóstico e orientações para o ordenamento pesqueiro de *Urophycis mystacea*. In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 86-94.
- HOWES, G.J. 1989. Phylogenetic relationships of macrourid and gadoid fishes based on cranial myology and arthrology. In: COHEN, D.M. (ed). Papers on the systematics of gadiform fishes. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 113-128.
- HOWES, G.J.; CRIMMEN, O.A. 1990. A review of the Bathygadidae (Teleostei: Gadiformes). Bull Br. Mus. nat. Hist. (Zool), v. 56, p. 155-203.
- HOWES, G.J. 1991a. Anatomy, phylogeny and taxonomy of the gadoid fish genus *Macruronus* Gunther, 1873, with a revised hypothesis of gadoid phylogeny. Bull Br. Mus. nat. Hist. (Zool.), v. 57-58, p. 77-110.
- HOWES, G.J. 1991b. Biogeography of gadoid fishes. J. Biogeogr., v. 18, p. 595-622.
- HOWES, G.J. 1993. Anatomy of the Melanonidae (Teleostei: Gadiformes), with comments on its phylogenetic relationships. Bull. Nat. Hist. Mus. Zool. v. 59, p. 11-31.
- INSTITUTO CHICO MENDES DE CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (ICMBIO) 2016. Estatística pesqueira por região. Disponível em: <http://www.icmbio.gov.br/cepsul/biblioteca/acervo-digital/38-download/artigos-cientificos/112-artigos-cientificos.html> (acessado em 16 de Outubro de 2016).
- IWAMOTO, T. 1989. Phylogeny of grenadiers (Suborder Macrouroidei): Another interpretation. In: COHEN, D.M. (ed). Papers on the systematics of gadiform fishes. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 159-173.
- LAUDER, G.V.; LIEM, K.F. 1983. Patterns of diversity and evolution in ray-finned fishes. Fish neurobiology, v. 1, p. 1-24.
- LEMES, P.C.R.; MELO, M.R.S. 2016. Gadiformes. In: Catálogo Taxonômico da Fauna do Brasil. PNUD. Disponível em: <http://fauna.ibri.gov.br/fauna/faunadobrasil/152> (acessado em 30 de Novembro de 2016).
- LLORIS, D.; MATAILLANAS, J.; OLIVER, P. 2003. Merluzas del mundo (Familia Merlucciidae): Catálogo comentado e ilustrado de las merluzas conocidas. Roma: FAO Catálogo de especies para lós fines de la pesca, n. 2, 57 p.
- MAHIQUES, M.M.; TESSLER, M.G.; CIOTTI, A.M.; SILVEIRA, I.C.A.; SOUSA, S.H.D.M.; FIGUEIRA, R.C.L.; PASSOS, R F. 2004. Hydrodynamically driven patterns of recent sedimentation in the shelf and upper slope off Southeast Brazil. Continental Shelf Research, v. 24, n. 15, p. 1685-1697.

- MARKLE, D.F. 1982. Identification of larval and juvenile Canadian Atlantic gadoids with comments on the systematics of gadid subfamilies. *Canadian Journal of Zoology*, v. 60, n. 12, p. 3420-3438.
- MARKLE, D.F. 1989. Aspects of character homology and phylogeny of the Gadiformes. *In*: COHEN, D.M. (ed). Papers on the systematics of gadiform fishes. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 59-88.
- MARSHALL, N.B. 1966. The relationships of the anacanthine fishes *Macruronus*, *Lyconus*, and *Steindachneria*. *Copeia* 1966, p. 275-280.
- MARSHALL, N.B.; COHEN, D.M. 1973. Order Anacanthini (Gadiformes): characters and synopsis of families. *Mem. Sears Found. Marine Res.*, v. 1, p. 479-495.
- MARTINS R.S.; HAIMOVICI, M. 2000. Determinação de idade, crescimento e longevidade da abrótea-de-profundidade, *Urophycis cirrata* Goode & Bean, 1896, (Teleostei: Phycidae) no extremo sul do Brasil. *Atlântica*, Rio Grande, v. 22, p. 55-70.
- MELO, M.R.S.; BRAGA, A.C.G.; NUNAN, W.A. & COSTA, P.A.S. 2010. On new collections of deep-sea Gadiformes (Actinopterygii: Teleostei) from the Brazilian continental slope, between 11° and 23° S. *Zootaxa*, v. 2433, p. 25-46.
- MENEZES, N.A.; BUCKUP, P.A.; FIGUEIREDO, J.L.; MOURA, R.L. 2003. Catálogo das espécies de peixes marinhos do Brasil. Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo. 159 p.
- MILOSLAVICH, P.; KLEIN, E.; DÍAZ, J.M.; HERNÁNDEZ, C.E.; BIGATTI, G.; CAMPOS, L.; CARRANZA, A. 2011. Marine biodiversity in the Atlantic and Pacific coasts of South America: knowledge and gaps. *PloS one*, v. 6, n. 1, p. e14631.
- MUSICK, J.A. 1973. A meristic and morphometric comparison of the hakes, *Urophycis chuss* and *U. Tenuis* (Pisces, Gadidae). *Fishery Bulletin*. v. 71, Nº 02, p. 479-488.
- NELSON, J.S. 1994. *Fishes of the world*. 3rd edition. New York: John Willey & Sons. 600 p.
- NELSON, J.S., 2006. *Fishes of the World*. 4th edition. Hoboken, New Jersey: John Wiley and Sons. 622 p.
- NOLF, D.; STEURBAUT, E. 1989. Evidence from otoliths for establishing relationships between gadiforms and other groups. *In*: COHEN, D.M. (ed). Papers on the systematics of gadiform fishes. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 37-45.
- PERES, M.B.; HAIMOVICI, M. 1998. A pesca dirigida do cherne-poveiro *Polyprion americanus* (Poliprionidae - Teleostei) no Sul do Brasil. *Rio Grande: Atlântica*, v. 20, p. 141-161.
- PEREZ, J.A.A.; PEZZUTO, P.R.; ANDRADE, H.A.; SCHWINGEL, P.R.; RODRIGUES-RIBEIRO, M. & WAHRLICH, R. 2002. O ordenamento de uma nova pescaria direcionada ao peixe-sapo (*Lophius gastrophysus*) no Sudeste e Sul do Brasil. *Notas Técnicas da FACIMAR*, v. 6, p. 65-83.

- PEREZ, J.A.A.; WAHRLICH, R.; PEZZUTO, P.R.; SCHWINGEL, P.R.; LOPES, F.R.A.; RIBEIRO, R.M. 2003. Deep-sea fishery off southern Brazil: Recent trends of the Brazilian Fishing Industry. *Journal of Northwest Atlantic Fishery Science*. v. 31, p. 1-18.
- PATTERSON C.; ROSEN, D.E. 1989. The Paracanthopterygii revisited: order and disorder. *In*: COHEN, D.M. (ed). *Papers on the systematics of gadiform fishes*. Los Angeles: Nat. Hist. Mus. Los Angeles County, Sci. Ser. No. 32, p. 5-36.
- PIOLA, A.R.; CAMPOS, E.J.; MÖLLER, O.O.; CHARO, M.; MARTINEZ, C. 2000. Subtropical shelf front off eastern South America. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, v. 105, n. C3, p. 6565-6578.
- POGSON, G.H.; MESA, K.A. 2004. Positive Darwinian selection at the Pantophysin (pan I) locus in marine gadid fishes. *Mol. Biol. Evol.*, v. 21, p. 65-75.
- REGAN, C.T. 1903. On the systematic position and classification of the gadoid and anacanthine fishes. *Ann. Mag. Natl Hist.*, Ser. 7, v. 11, p. 459-466.
- ROA-VARÓN, A.; ORTÍ, G. 2009. Phylogenetic relationships among families of Gadiformes (Teleostei, Paracanthopterygii) based on nuclear and mitochondrial data. *Mol. Phylogenet. Evol.*, v. 52, p. 688-704.
- ROBINS, C.R.; RAY, G.C. 1986. *A Field Guide to Atlantic Coast Fishes*. The Peterson Field Guides Series 32, United States of America, 354 p.
- SVETOVIDOV, A.N. 1948. *Fauna of the U.S.S.R. Zoological Institute of the Academy of Sciences of the U. S. S. R. New Series, 34*. National Science Foundation, Washington, D. C., Israel Program for Scientific Translations, Jerusalem, 304 p. [Tradução para o ingles de SVETOVIDOV, A.N. 1948. *Treskoobraznye. Zoologicheskii Institut Akademii NAUK SSSR. New Series No. 34, Izdatel'stvo Akademii Nauk, Moskva, Leningrad, 304 p.*]
- TELETCHER, F.; LAUDET, V.; HANNI, C. 2006. Phylogeny of the Gadidae (*sensu* Svetovidov, 1948) based on their morphology and two mitochondrial genes. *Mol. Phylogenet. Evol.*, v. 38, p. 189-199.
- VALENTINI, H.; PEZZUTO, P.R. 2006. *Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil com Base na Produção Controlada do Período 1986-2004*. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 2, 57 p.
- WIRGIN, I., ROY, N. K., LOFTUS, M., CHAMBERS, R. C., FRANKS, D. G., & HAHN, M. E. 2011. Mechanistic basis of resistance to PCBs in Atlantic tomcod (*Microgadus tomcod*) from the Hudson River. *Science*, 331(6022), p. 1322-1325.

Capítulo 1. Redescrição de *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858), um sinônimo sênior de *Urophycis latus* Miranda Ribeiro, 1903 (Gadiformes: Gadidae)

1.1 Resumo

Urophycis Gill, 1864 é um gênero de peixes demersais composto por oito espécies válidas com distribuição anti-tropical no Atlântico Ocidental. Apenas duas espécies ocorrem no Atlântico Sul: *U. brasiliensis* (Kaup, 1858) e *U. mystacea* Miranda Ribeiro, 1903. Essas espécies têm distribuição semelhante entre o Sudeste do Brasil o Norte da Argentina; porém *U. brasiliensis* ocorre em águas mais rasas do que *U. mystacea*. Ambas espécies são importantes recursos pesqueiros no Sul do Brasil e Uruguai. No presente estudo foram realizadas a redescrição de *U. brasiliensis* baseando-se na comparação dos tipos e de exemplares adicionais, incluindo a descrição do otólito sagitta; a alocação de *U. latus* Miranda Ribeiro, 1903 como sinônimo júnior de *U. brasiliensis*; e foi apresentado um mapa de distribuição atualizado.

Palavras chave: Atlântico Sul Ocidental, plataforma continental, talude superior, bacalhau brasileiro.

1.2 Introdução

Urophycis Gill, 1864 é um gênero de peixes demersais que inclui atualmente oito espécies válidas: *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858); *Urophycis cirrata* (Goode & Bean, 1896); *Urophycis chuss* (Walbaum, 1792); *Urophycis earllii* (Bean, 1880); *Urophycis floridana* (Bean & Dressel, 1884); *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903; *Urophycis regia* (Walbaum, 1792); and *Urophycis tenuis* (Mitchill, 1814) (Svetovidov, 1948; Musick, 1973; Robins & Ray, 1986; Cohen *et al.*, 1990; Eschmeyer & Fricke, 2016).

As espécies do gênero *Urophycis* possuem uma típica distribuição anti-tropical ao longo da plataforma continental e talude superior no Atlântico Ocidental do Canadá à Argentina, com um intervalo de distribuição entre 16° N e 21° S, assim, o gênero é ausente no Norte e Nordeste do Brasil, Norte da América do Sul, Caribe e na parte sudeste do Golfo do México. *Urophycis chuss*, *U. cirrata*, *U. earllii*, *U. floridana*, *U. tenuis*, and *U. regia* são restritas ao Atlântico Norte, da Península do Labrador até a porção norte do Golfo do México (Svetovidov, 1948; Musick, 1973; Robins & Ray, 1986; Cohen, 1990). *Urophycis brasiliensis* e *U. mystacea* são espécies endêmicas do Atlântico Sul (Cousseau, 1993; Menezes *et al.*, 2003; Melo *et al.*, 2010).

Urophycis brasiliensis foi descrita por Kaup (1858) baseado em exemplares coletados ao largo de Montevideo, Uruguai. Adicionalmente, duas espécies nominais foram descritas a partir de exemplares coletados no Uruguai: *Laemonema longifilis* Günther, 1880, e *Blennius brotola* Larrañaga, 1923. Steindachner (1883) e Devincenzi (1925), respectivamente alocaram estas duas espécies como sinônimos de *U. brasiliensis*. *Urophycis latus* Miranda Ribeiro, 1903 foi descrita a partir de um único exemplar coletado próximo à Ilha Rasa, ao largo da cidade do Rio de Janeiro, Brasil. Esta foi aparentemente esquecida desde então, sendo raramente citada em relatos taxonômicos e inventários faunísticos. Entretanto, seu status taxonômico nunca foi questionado (*e.g.*, Cohen *et al.*, 1990; Menezes *et al.*, 2003).

Neste trabalho, *U. brasiliensis* foi redescrita com base na análise de tipos e espécimes adicionais; foram designados lectótipos e paralectótipos; foi realizada a caracterização do otólito Sagitta, uma importante característica taxonômica dos gadiformes; e foi gerado um mapa de distribuição atualizado. Ademais, *Urophycis latus* foi formalmente alocada como sinônimo júnior de *U. brasiliensis*.

1.3 Material e métodos

Os dados merísticos e morfométricos foram obtidos sob estereomicroscópio binocular, baseados em Meléndez (1996) e Svetovidov (1948) com as modificações a seguir. As medidas foram tomadas ponto a ponto, a partir dos pontos homólogos ilustrados na Figura 1 e definidos na Tabela 1, com o auxílio de um paquímetro digital de precisão de 0,1 mm ou fita métrica de precisão de 1,0 mm para medidas maiores que 250,0 mm. As contagens estão listadas ao longo do texto, seguidas de sua frequência em parênteses; com um asterisco indicando os valores para o lectótipo. Para a descrição do otólito sagitta, foram utilizados apenas otólitos do lado esquerdo dos espécimes, seguindo a terminologia de Assis (2004) e Tuset *et al.* (2008). Para a análise estatística da relação entre o comprimento das nadadeiras dorsal e pélvica com o comprimento padrão foram utilizados a análise de Kruskal-Wallis e o teste T de Student com o auxílio do programa BioEstat 5.0 (Ayres *et al.*, 2007). O material comparativo está listado no Apêndice 1.

Foram utilizados espécimes depositados nas seguintes coleções: UF, Florida Museum of Natural History, University of Florida; MNHN, Musée National d'Histoire Naturelle; MZUSP, Museu de Zoologia, Universidade de São Paulo; MNRJ, Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro e USNM, Smithsonian Institution National Museum of Natural History. Vouchers dos otólitos sagittae estão depositados na Coleção de Otólitos de Peixes Teleósteos da Região Sudeste-Sul do Brasil (COSS-Brasil), Instituto Oceanográfico, Universidade de São Paulo.

As abreviações utilizadas ao longo do texto foram as seguintes: Comprimento padrão: CP; número de exemplares: N; Estados Unidos da América: EUA; Oceano Atlântico Sul: OAS; Oceano Atlântico Norte: OAN.

1.4 Resultados

1.4.1 Redescrição

***Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858)**

Brazilian codling [Inglês]; bacalhau-brasileiro, abrótea, abrotéa ou brótea [Português]; brótola [Espanhol].

(Figs. 2 A–D; Tabela 2)

Phycis brasiliensis Kaup, 1858:88 [descrição original, localidade tipo: Montevideo, Uruguai]; Steindachner, 1883:186 [nota taxonômica]; Bailly *et al.*, 1999:237 [catálogo de exemplares tipo depositados na coleção de peixes do MNHN].

Laemonema longifilis Günther, 1880:13, Pl. 7 (Fig. 2B) [descrição original, localidade tipo: Río de la Plata, Challenger estação 321, profundidade 13 pés]; Steindachner, 1883:186 [sinonimizada a *Phycis brasiliensis*]; Berg, 1895:74 [sinonimizada a *Phycis brasiliensis*]; Cohen *et al.*, 1990:82 [catálogo de espécies da FAO].

Urophycis latus Miranda Ribeiro, 1903:191 [descrição original, localidade tipo: Ilha Rasa, Rio de Janeiro]. **NOVO SINÔNIMO.**

Urophycis chuss (non Walbaum, 1792) Miranda Ribeiro, 1903:190; Miranda Ribeiro, 1915:1–3, fig. 1. [citação incorreta para águas brasileiras].

Blennius brotola Larrañaga, 1923:375 [type locality: Uruguay]; Devincenzi, 1925:300–301 [sinonimizada a *Urophycis brasiliensis*].

Urophycis brasiliensis Svetovidov, 1948:112 [descrição osteológica genérica; chave para espécies; nota taxonômica]; Figueiredo & Menezes, 1978:45 (Fig. 75) [catálogo de peixes marinhos do sudeste do Brasil; descrição; ilustração]; Inada in Nakamura *et al.*, 1986:118 [nova atribuição genérica; Patagonia]; Cohen *et al.*, 1990:82 [catálogo de espécies da FAO]; Bailly *et al.*, 1999:237 [catálogo de exemplares tipo depositados na coleção de peixes do MNHN]; Cousseau & Perrotta, 2000:70 [comentário e checklist dos peixes marinhos da Argentina]; López *et al.*, 2002:63 [catálogo de peixes marinhos da Argentina]; Menezes *et al.*, 2003:62 [catálogo de peixes marinhos do Brasil]; Costa *et al.*, 2007:22 [biodiversidade da fauna marinha profunda da costa central do Brasil]; Melo *et al.*, 2010:29 [checklist de gadiformes do talude continental brasileiro]; Mabragaña *et al.*, 2011: table S2 [DNA barcode dos peixes marinhos e estuarino da Argentina]; Fabiano *et al.*, 2014:8 [checklist dos peixes de Montevideo].

Lectótipo, aqui designado. MNHN 2015-0334 (1, 331,9 mm CP), Montevideo, Uruguai, 35°48' S; 55°01' O [coordenadas inferidas], col. Alcide d'Orbigny.

Paralectótipo, aqui designado. MNHN 1996-1375 (1, 366,3 mm CP), coletado juntamente com o lectótipo.

Diagnose. *Urophycis brasiliensis* distingue-se de seus congêneres pela combinação das seguintes características: terceiro raio da primeira nadadeira dorsal mais espesso e alongado, formando um filamento com 16–45% CP (vs. terceiro raio da primeira nadadeira dorsal sem filamento em *U. cirrata*, *U. earllii*, *U. floridana*, *U. mystacea*, e *U. regia*); raio da nadadeira pélvica alongado formando filamento com

34–61% CP, estendendo-se além do ânus (vs. raio da nadadeira pélvica formando filamento com 22–30% CP, não se estendendo além do ânus em *U. chuss*, *U. earlli*, *U. floridana*, *U. regia*, e *U. tenuis*). Difere ainda de *U. earllii*, *U. floridana* e *U. regia* por possuir coloração marrom uniforme no corpo e pigmentação mais escura nas extremidades da primeira e segunda nadadeiras dorsais, anal e caudal (vs. corpo com coloração escura e manchas nas laterais em *U. earllii*; corpo com coloração uniforme, pontos pretos na região do crânio e traços ao longo da linha lateral, primeira nadadeira dorsal com uma mancha escura e distinta margem branca em *U. regia*).

Descrição. Dados morfométricos apresentados na Tabela 2. *Urophycis brasiliensis* pode atingir 630,0 mm CP (Andrade *et al.*, 2004); maior espécime examinado com 484,0 mm CP. Corpo alongado, lateralmente comprimido, pedúnculo caudal estreito. Maior altura no primeiro terço do corpo. Cabeça alongada, dorsoventralmente achatada, comprimento cerca de $\frac{1}{4}$ no CP. Maxila moderadamente proeminente. Lábio superior com prega dérmica recobrando pré-maxila e dentário quando boca está fechada. Extremidade do focinho arredondada em vista dorsal. Boca terminal; extremidade posterior da maxila alcançando a margem posterior da órbita. Olhos bem desenvolvidos, levemente alongados anterodorsalmente; margem da órbita livre. Dois pares de narinas distintamente separadas; distância entre narinas aproximadamente mesma distância entre narina posterior e órbita; margem posterior da narina anterior expandida, formando borda epitelial com formato tubular; narina posterior levemente elíptica, com borda epitelial tubular ausente. Barbilhão curto e fino, inserido na sínfise dos dentários; comprimento do barbilhão menor que metade do diâmetro da órbita.

Membrana branquial unida na linha média, não ligada ao istmo; abertura branquial alcançando base da nadadeira peitoral, na altura da pupila. Rastros branquiais bem desenvolvidos; rastros da fileira anterior do primeiro arco branquial alongados, 2 (7) ou 3 (24*) no lobo superior, 9 (1), 10 (2), 11 (21*) ou 12 (7) no lobo inferior; total de rastros branquiais 11 (1), 13 (5), 14 (21*), 15 (4); rastros tuberculares na região dorsal do primeiro arco branquial e arcos remanescentes.

Escamas cicloides, decíduas, total ou parcialmente perdidas na maioria dos espécimes, incluindo os tipos de *U. brasiliensis* e *U. latus*; escamas menores próximas à base da primeira e segunda nadadeiras dorsais. Escamas ausentes na base das nadadeiras e membrana inter-radial da primeira nadadeira dorsal e das

nadadeiras caudal, anal, peitorais e pélvicas; escamas minúsculas presentes na membrana inter-radial da segunda nadadeira dorsal. Pequenas escamas cobrindo região dorsal da cabeça até altura da margem anterior das órbitas e narinas, opérculo, pré-opérculo, infraopérculo, subopérculo e laterais da face, até altura da margem posterior da órbita; escamas presentes na região infraorbital em alguns exemplares. Escamas ausentes no focinho e região das narinas, dentário, maxila e membranas branquial e branquiostegal. Linha lateral relativamente linear, suavemente arqueada na metade anterior; escamas na linha lateral 110 (1), 114 (1), 115 (3), 116 (1), 119 (2), 120 (2), 121 (2), 123 (1), 125 (1), 126 (3), 128 (2), 129 (2), 130 (3), 132 (1), 138 (1) [não contabilizadas nos exemplares do MNHN]. Escamas acima da linha lateral 12 (15), 13 (5), 15 (6); escamas abaixo da linha lateral 27 (9), 29 (4), 30 (11) [não contabilizadas nos exemplares do MNHN]. Escamas ausentes entre ânus e origem da nadadeira anal.

Nadadeira peitoral arredondada; raios totais da nadadeira peitoral 14 (5*), 15 (6), 16 (8), 17 (9), 18 (3); dois primeiros raios (dorsais) e dois últimos raios (ventrais) não ramificados, demais raios ramificados. Origem da nadadeira pélvica anterior à origem da nadadeira peitoral, sob altura da região anterior do pré-opérculo; raios totais da nadadeira pélvica 3 (31*); raios não ramificados. Primeiro raio (lateral) da nadadeira pélvica reduzido, visível apenas por meio de dissecção; segundo e terceiro raios alongados, formando filamentos. Segundo filamento pélvico reduzido, alcançando a metade do terceiro filamento; terceiro filamento alongado, estendendo-se posteriormente ao ânus, 34,7% a 61,5% do CP. Todos os raios conectados à base por uma espessa camada dérmica.

Duas nadadeiras dorsais, distintamente separadas; distância entre as dorsais cerca de metade da base da primeira nadadeira dorsal. Raios da primeira nadadeira dorsal 7 (4*), 8 (6), 9 (16), 10 (4), 11 (1); raios não ramificados; terceiro raio mais espesso e alongado que os demais, formando filamento que alcança vertical que passa pelo ânus, 16,7 a 45,0% do CP. Base da segunda nadadeira dorsal alongada; raios totais da segunda nadadeira dorsal 51 (2*), 52 (1), 53 (2), 54 (4), 55 (4), 56 (3), 57 (5), 58 (4), 59 (2), 60 (1), 61 (2); primeiro raio não ramificado, demais raios ramificados. Nadadeira anal alongada, inserida imediatamente após o ânus; raios totais da nadadeira anal 41 (1), 42 (2*), 44 (1), 45 (3), 46 (1), 47 (4), 48 (10), 49 (4), 51 (2), 53 (1), cinco primeiros raios não ramificados, demais raios ramificados. Nadadeira caudal arredondada e distintamente separada das

nadadeiras dorsal e anal; raios da nadadeira caudal i+8+11+i (12); i+8+10+i (1); i+9+12+i (1); i+10+11+i (1) [não contabilizados nos exemplares do MNHN]. Filamentos das nadadeiras pélvica e dorsal com crescimento alométrico negativo, alcançando comprimentos relativamente maiores em exemplares juvenis, comparados aos adultos ($p < 0,05$) (Fig. 3).

Vértebras pré-caudais 15 (4), vértebras totais 47 (3), 46 (1). Basibrânquiais 7 (15) [não contabilizados nos exemplares do MNHN], sendo um no epihial, três no ceratohial, e três no hipohyal. Cecos pilóricos 14 (1), 15 (1), 19 (1), 21 (2), 23 (1), 25 (2), 26 (1), 28 (2).

Dentição. Dentes pré-maxilares viliformes, dispostos em duas fileiras posteriores e em cinco fileiras na linha central; dentes presentes até extremidade distal da maxila. Dentes no osso dentário pequenos, dispostos em duas a três fileiras, posterior e lateralmente; dentes presentes até extremidade posterior do processo ascendente do dentário, subsequente à abertura bucal. Dentes palatinos viliformes, dispostos em uma única placa com formato cônico, lateralmente extensa e medialmente estreita; conectados uns aos outros na linha mediana. Dentes vomerinos ausentes.

Coloração. Corpo e cabeça com coloração marrom escura na região dorsal e geralmente mais pálida na região ventral, abdome amarelado. Nadadeiras dorsais, peitorais, caudal e anal levemente mais escuras que o restante do corpo; nadadeiras pélvicas distintamente mais claras, quase brancas. Marca escura alongada presente no opérculo, posteriormente à margem do pré-opérculo. Coloração em álcool similar à de exemplares recém coletados, alguns indivíduos fixados com pigmentação perdida. Boca variando de amarelo claro a marrom escuro; melanóforos amplamente espaçados presentes na região superior da boca, menos espaçados nas paredes internas do opérculo, cavidade branquial escurecida; melanóforos ausentes nos arcos branquiais. Peritônio marrom claro.

Otólito sagitta. Morfologia: oblongo a lanceolado. Região anterior: oblíqua a pontiaguda (60%), oblíqua a pontiaguda arredondada (17%), oblíqua a angular arredondada (17%), oblíqua arredondada (3%). Região posterior lanceolada arredondada. Borda dorsal: sinuosa a lisa (90%), lobada a lisa (10%). Borda ventral anterior: lobada a sinuosa (60%), lobada (23%), sinuosa (17%). Borda ventral posterior: sinuosa a lisa (57%), sinuosa (43%). Perfil: côncavo-convexo (93%), plano-convexo (7%). Orientação do rostrum e antirostrum: concordantes. Rostrum:

pouco desenvolvido. Antirostrum: ausente. Pseudorostrum: ausente. Pseudoantirostrum: ausente. Sulcus acusticus: posição supramedial, orientação levemente ascendente (87%), horizontal (13%), abertura para-ostial (70%), pseudo-ostiocaudal (30%), morfologia archaessulcóide, colliculum unimórfico, ostium ausente, cauda ausente (Fig. 4).

Distribuição. *Urophycis brasiliensis* é uma espécie demersal, distribuída ao longo da plataforma continental do Oceano Atlântico Sul, entre as latitudes 21° S e 38° S. Há registros de ocorrência da espécie no Brasil desde o sul do estado do Espírito Santo, próximo a fronteira com o estado do Rio de Janeiro, até a província argentina de Buenos Aires, incluindo o Uruguai (Fig. 5).

1.5 Discussão

Apenas duas espécies de *Urophycis* são conhecidas para o Atlântico Sul Ocidental, *Urophycis brasiliensis* e *Urophycis mystacea*. Uma terceira espécie, *U. chuss*, foi citada por Miranda Ribeiro (1903; 1915) a partir de apenas dois exemplares capturados nas proximidades da Ilha das Tijucas, ao largo da cidade do Rio de Janeiro (MNRJ 3335). Uma análise minuciosa destes dois espécimes foi realizada, inclusive dissecção e observação dos otólitos sagitta, permitindo confirmar a classificação destes exemplares como *U. brasiliensis*.

Urophycis brasiliensis é uma espécie comum dentro de sua área de distribuição, porém mais abundante na região Sudeste do Brasil e no Uruguai, onde apresenta grande importância econômica devido ao interesse pesqueiro. Os indivíduos adultos ocorrem entre os 50 e 180 metros de profundidade, sendo que os juvenis ocorrem em águas mais rasas, a partir dos 30 metros (Perez & Haimovici, 1998; Haimovici *et al.*, 2006; Costa *et al.*, 2007; Haimovici *et al.*, 2008). *Urophycis mystacea* apresenta um padrão de abundância similar, porém ocorre em águas mais profundas, entre 180 e 600 metros de profundidade (Cohen, 1990; Cousseau, 1993; Melo *et al.*, 2010).

1.6 Agradecimentos

Ao Acacio Tomás e Gastão Bastos (IPESCA) pela colaboração no trabalho de campo e na obtenção de exemplares adicionais; ao Mario de Pinna, Aléssio Datovo, Michel Gianetti e Oswaldo Oyakawa (MZUSP), Cristiano Moreira e Paulo Buckup (MNRJ), Larry Page e Rob Robbins (UF), à Sandra Raredon, Richard Vary e David Johnson (USNM), G. Zora e P. Pruvost (MNHN) por todo o apoio de curadoria, empréstimos, trocas e suporte durante as visitas aos museus; à Carmen L.D.B.

Rossi-Wongtschowski (IOUSP) pelo apoio no acesso à coleção de otólitos; ao Cristiano Moreira pela análise de alguns dos espécimes durante visita ao USNM em 2011 e ao Santiago Barbini (INIDEP) pelo envio de dados e fotografias dos exemplares argentinos. Às agências de fomento CAPES, pela bolsa de mestrado concedida, e FAPESP, pela bolsa de doutorado da colaboradora Marina Vianna Loeb (processo 2011/06830-0) e pelo apoio ao projeto “Otólitos: acesso à biodiversidade e uso em diferentes áreas do conhecimento” (processo 2014/03764-4).

1.7 Referências

- ANDRADE, H.A.; DUARTE PEREIRA, M.; ABREU SILVA, J.L. 2004. Idade e crescimento da abrótea (*Urophycis brasiliensis*) capturada no Sul do Brasil. Notas Técnicas FACIMAR, v. 8, p. 107-117.
- ANDRADE, H.A.; LUCATO, S.H.B.; SOARES, G.S. 2005. *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858). In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das principais pescarias comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo: Instituto Oceanográfico – USP (Série de Documentos Revizee: Score Sul), v. 1, p. 167-173.
- ASSIS, C.A. 2004. Guia para a identificação de algumas famílias de peixes ósseos de Portugal continental, através da morfologia dos seus otólitos *Sagitta*. Câmara Municipal de Cascais, Cascais, 190 p.
- AYRES, M. 2008. BioEstat. Version 5.0. Computer Program.
- BERG, C. 1895. Enumeración Sistemática y sinonímica de los peces de las costas argentina y uruguaya. Anales de Museo Nacional de Buenos Aires, Serie 2, Tomo IV, p. 1-120.
- BAILLY, N.; HUREAU, J.C.; PRUVOST, P. 1999. Catalogue critique des types de poissons du Muséum National d'Histoire Naturelle (et des Musées d'histoire naturelle en région) (Suite) Ordre des Gadiformes. Cybium, v. 23, p. 219-245.
- COHEN, D.M.; INADA, T.; IWAMOTO, T.; SCIALABBA, N. 1990. FAO species catalogue. Vol. 10. Gadiform fishes of the world (Order Gadiformes). An annotated and illustrated catalogue of cods, hakes, grenadiers and other gadiform fishes known to date. Rome: FAO Fisheries Synopsis, No. 125, v.10, 442 p.
- COSTA, P.A.S.; OLAVO, G.; MARTINS, A.S. 2007. Biodiversidade da fauna marinha profunda na costa central brasileira. Rio de Janeiro: Museu Nacional (Série Livros; 24) 184 p.

- COUSSEAU, M.B. 1993. Las especies del orden gadiformes del Atlántico sudamericano comprendido entre 34°S y 55°S y su relación con las de otras áreas. *Frente Marítimo*, v. 13, p. 7-102.
- COUSSEAU, M.B.; PERROTTA, R.G. 2000. Peces marinos de Argentina: Biología, Distribución, Pesca. 2nd edition. Publicaciones Especiales de Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero-INIDEP, Mar del Plata, 167 p.
- DEVINCENZI, G.J. 1925. El primer ensayo sobre Ictiología del Uruguay. La clase "Peces" de la zoología de don Dámaso A. Larrañaga. *Anales del Museo Nacional de Historia Natural de Montevideo*, v. 1, p. 295-323.
- ESCHMEYER, W.N.; FRICKE, R. 2016. Catalog of Fishes electronic version. Disponível em: <http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp> (acessado em 20 de Outubro 2016).
- FABIANO, G.; LAPORTA, M.; SILVEIRA, S.; SANTANA, O. 2014. Catálogo de Especies Capturadas en la Camerón: Laguna de Rocha. MGAP-DINARA – Unidad de Gestión Pesquera Atlántica, Montevideo, 34 p.
- FIGUEIREDO, J.L.; MENEZES, N.A. 1978. Manual de peixes marinhos do sudeste do Brasil. II. Teleostei (1). Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, São Paulo, 110 p.
- GOODE, G.B.; BEAN, T.H. 1896. Oceanic ichthyology, a treatise on the deep-sea and pelagic fishes of the world, based chiefly upon the collections made by the steamers Blake, Albatross, and Fish Hawk in the northwestern Atlantic, with an atlas containing 417 figures. *Special Bulletin of United States National Museum*, v. 22, p. 1-26.
- GÜNTHER, A. 1880. Report on the shore fishes procured during the voyage of H.M.S. Challenger in the years 1873-1876. *Zoology* 1, 82 p., Pls. 1-32.
- HAIMOVICI, M.; ÁVILA-DA-SILVA A. O.; FISCHER L. G. 2006. Diagnóstico e orientações para o ordenamento pesqueiro de *Urophycis mystacea*. In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). *Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração*. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 86-94.
- HAIMOVICI, M.; ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B.; BERNARDES, R.A.; FISCHER, L.G.; VOOREN, C.N.; SANTOS, R.A.; RODRIGUES, A.R.; SANTOS, S. 2008. Prospecção pesqueira de espécies demersais com rede de arrasto de fundo na Região Sudeste-Sul do Brasil. São Paulo: Instituto Oceanográfico. 185 p.
- KAUP, J.J. 1858. Uebersicht der Familie Gadidae. *Archiv für Naturgeschichte*, v. 24, p. 85-93.

- LÓPEZ, H.L.; MORGAN, C.C.; MONTENEGRO, M. J. 2002. Ichthyological ecoregions of Argentina. Series Técnica y Didáctica, ProBiota, v. 1, p. 1-68.
- MABRAGAÑA, E.; DÍAZ DE ASTARLOA, J.M.; HANNER, R.; ZHANG, J.; GONZÁLEZ CASTRO, M. 2011. DNA barcoding identifies Argentine fishes from marine and brackish waters. *PLoS ONE*, v. 6, p. 1-45.
- MELENDEZ, R.C. 1996. Phylogeny and zoogeography of Laemonema (Pisces; Gadiformes; Moridae). Oregon State University, 239 p.
- MELO, M.R.S.; BRAGA, A.C.G.; NUNAN, W.A.; COSTA, P.A.S. 2010. On new collections of deep-sea Gadiformes (Actinopterygii: Teleostei) from the Brazilian continental slope, between 11° and 23°S. *Zootaxa*, v. 2433, p. 25-46.
- MENEZES, N.A.; BUCKUP, P.A.; FIGUEIREDO, J.L.; MOURA, R.L. 2003. Catálogo das espécies de peixes marinhos do Brasil. Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo. 159 p.
- MIRANDA RIBEIRO, A. 1903. Pescas do "Annie". Boletim Sociedade Nacional Agricultura, v. 4-7, p. 150-196.
- MIRANDA RIBEIRO, A. 1915. Fauna brasiliense. Peixes. Tomo V. Physoclisti. Arquivos do Museu Nacional de Rio de Janeiro, v. 17, p. 1-679, 31 Pls.
- MUSICK, J.A. 1973. A meristic and morphometric comparison of the hakes, *Urophycis chuss* and *U. Tenuis* (Pisces, Gadidae). *Fishery Bulletin*. v. 71, Nº 02, p. 479-488.
- NAKAMURA, I.; INADA, T.; TAKEDA, M.; HATANAKA, H. 1986. Important fishes trawled off Patagonia. Japan Marine Fishery Resource Research Center, Tokyo, 369 p.
- PEREZ, J.A.A.; HAIMOVICI, M. 1998. A pesca dirigida do cherne-poveiro *Polyprion americanus* (Poliprionidae – Teleostei) no Sul do Brasil. *Atlântica*, v. 20, p. 141-161.
- ROBINS, C.R.; RAY, G.C. 1986. A Field Guide to Atlantic Coast Fishes. The Peterson Field Guides Series 32, United States of America, 354 p.
- STEINDACHNER, F. 1883. 2. Pisces. In: CARUS, J.V. IV. Abtheilung: Vertebrata. Zoologischer Jahresbericht für 1881. Zoologischen Station Zu Naepel, Verlag von Wilhelm Engelmann, Leipzig, p. 140-205.
- SVETOVIDOV, A.N. 1948. Fauna of the U.S.S.R. Zoological Institute of the Academy of Sciences of the U. S. S. R. New Series, 34. National Science Foundation, Washington, D. C., Israel Program for Scientific Translations, Jerusalem, 304 p. [Tradução para o ingles de SVETOVIDOV, A.N. 1948. Treskoobraznye. Zoologicheskii Institut Akademii NAUK SSSR. New Series No. 34, Izdatel'stvo Akademii Nauk, Moskva, Leningrad, 304 p.]

TUSET, V.M.; LOMBARTE, A.; ASSIS, C.A. 2008. Otolith atlas for the western Mediterranean, north and central eastern Atlantic. *Scientia Marina Espanha*, v. 72. p. 7-198.

Capítulo 2. *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903, um sinônimo júnior de *Urophycis cirrata* (Goode & Bean, 1896) (Gadiformes: Gadidae)

2.1 Resumo

Urophycis cirrata (Goode & Bean, 1896) e *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903 eram consideradas duas espécies distintas, sendo a primeira distribuída no Golfo do México, no oceano Atlântico Norte e a segunda entre o Sudeste do Brasil e o Norte da Argentina, no oceano Atlântico Sul. Porém, a similaridade morfológica entre estas espécies, previamente evidenciada em literatura, trazia problemas à identificação taxonômica de ambas. Estes fatos levaram ao questionamento sobre a validade taxonômica de *U. mystacea*. Neste trabalho, foram reavaliados os caracteres diagnósticos de *U. cirrata* e foi investigada a validade taxonômica de *U. mystacea* por meio da comparação morfológica dos tipos e exemplares adicionais, e análise de DNA mitocondrial; *U. mystacea* foi formalmente alocada como sinônimo júnior de *U. cirrata*; e foi apresentado um mapa de distribuição atualizado.

Palavras chave: abrótea de profundidade; talude continental; Golfo do México; identificação molecular.

2.2 Introdução

Apesar de frequentes na captura pesqueira, de possuírem importância comercial e de serem relativamente abundantes, os peixes do gênero *Urophycis* Gill, 1863 foram alvo de poucos estudos taxonômicos, filogenéticos e de biogeografia. No único estudo sobre o tema realizado no Atlântico Norte, Musick (1973) diferenciou, com base em caracteres morfológicos, *U. chuss* (Walbaum, 1792) de *U. tenuis* (Mitchill, 1814), duas espécies simpátricas e morfologicamente similares que eram frequentemente confundidas. No Atlântico Sul, foram abordados alguns problemas taxonômicos pendentes. Dentre eles, *Urophycis latus* Miranda Ribeiro, 1903, descrita a partir de um exemplar coletado ao largo da cidade do Rio de Janeiro, foi considerada um sinônimo júnior de *U. brasiliensis* (Kaup, 1858), cuja localidade tipo fica ao largo de Montevideo, Uruguai (Lemes *et al.*, 2016). Outro problema recorrente refere-se à identidade das espécies *Urophycis cirrata* (Goode & Bean, 1986) e *Urophycis mystacea* Miranda Ribeiro, 1903.

Urophycis mystacea foi descrita a partir de quatro exemplares coletados na Ilha Rasa, Rio de Janeiro, Brasil (23° S, 43° O). Já *U. cirrata* foi descrita a partir de um exemplar coletado no Golfo do México, ao largo do Mississippi, Estados Unidos (29° N, 88° O). Alguns autores (e.g., Melo *et al.*, 2010; Menezes *et al.*, 2003) restringem *U. mystacea* ao Atlântico Sul, entre o sul da Bahia (21° S, 87° O) e a foz do Rio Del Plata, na divisa entre Uruguai e Argentina (34° S, 57° O) e *U. cirrata* ao Golfo do México, entre 27° N, 80° O e 20° N, 90° O. Devido à falta de diferenças morfológicas evidentes entre as duas espécies, Cousseau (1993) considerou-as como sinônimos, chamando a espécie do Atlântico Sul ocidental de *U. cirrata*, nome que tornou-se mais comum na Argentina. No Brasil, havia ambiguidade até o momento, com predominância da utilização do nome *U. mystacea*, porém os dois nomes eram encontrados nas publicações, sem um critério definido (e.g., Haimovici *et al.*, 2005; Martins & Haimovici, 2000). Apesar da importância desta espécie como recurso pesqueiro no Brasil, nenhum estudo aprofundado sobre este problema taxonômico havia sido realizado.

Técnicas moleculares vêm sendo amplamente utilizadas na identificação de espécies e para complementar as tradicionais identificações morfológicas, quando estas envolvem casos com resolução complexa, além de serem uma ferramenta essencial para o emprego da abordagem da taxonomia integrativa (Padial *et al.*, 2010). Desde a década de 60, houve grande evolução das ferramentas moleculares

disponíveis para a identificação de espécies, passando da observação de padrões proteicos com eletroforese a análise de diferenças genéticas entre diversos genes e regiões do DNA, tanto nuclear quanto mitocondrial (Hajibabaei *et al.*, 2007; Manwell & Baker, 1963).

Em seus estudos envolvendo o DNA mitocondrial e visando o estabelecimento de um sistema unificado de identificação de espécies, Hebert *et al.* (2003a) propôs, através de experimentos, que a utilização de um fragmento de aproximadamente 650 pb do gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COI) seria suficiente para identificar a maioria das espécies de vertebrados, dando início ao que hoje é conhecido como DNA Barcode. Diversos estudos foram realizados desde então, demonstrando que a região possui uma extrema eficácia na discriminação entre espécies dos mais diversos grupos (*e.g.*, Waugh, 2007; Frezal & Leblois, 2008; Baker *et al.*, 2009; Becker *et al.*, 2011). O gene COI foi resolutivo também em trabalhos visando a caracterização de espécies e famílias dentro dos Gadiformes (*e.g.* Bañón *et al.*, 2013; Teletchea *et al.*, 2006; Von Der Heyden & Matthee, 2008).

A acurada identificação das espécies é essencial para a construção de uma base de conhecimentos sólida, permitindo a implementação de potenciais iniciativas conservacionistas (Ribeiro, 2012). Diante do exposto acima e, considerando o contexto de exploração das espécies de *Urophycis* no Brasil, neste trabalho foi investigada a identidade taxonômica de *Urophycis cirrata* por meio de comparações morfológicas dos tipos e espécimes adicionais e sequenciamento do gene COI; *U. mystacea* foi formalmente alocada como sinônimo júnior de *U. cirrata* e foi apresentado um mapa de distribuição atualizado para a espécie.

2.3 Material e Métodos

2.3.1 Análises morfológicas

Os dados merísticos e morfométricos foram obtidos sob estereomicroscópio binocular, seguindo o método descrito por Lemes *et al.* (2016). As medidas foram tomadas com o auxílio de um paquímetro digital de precisão de 0,1 mm ou fita métrica de precisão de 1,0 mm para medidas maiores que 250,0 mm. As contagens estão listadas ao longo do texto, seguidas de sua frequência em parênteses; com um asterisco indicando os valores para o holótipo e lectótipo. Não foi realizada a contagem de escamas e raios da nadadeira caudal nos exemplares analisados proveniente do USNM. O material comparativo está listado no Apêndice 1.

Foram analisados espécimes depositados nas seguintes coleções: Museu de Zoologia, Universidade de São Paulo (MZUSP); Museu Nacional, Universidade Federal do Rio de Janeiro (MNRJ); Smithsonian Institution National Museum of Natural History (USNM).

Demais abreviações utilizadas ao longo do texto: Argentina: ARG; Barcode of Life Data Systems: BOLD; Brasil: BR; Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior: CAPES; Centro de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Marinha do Sudeste e Sul do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade: CEPSUL/ICMBio; Comprimento Padrão: CP; Desvio Padrão: DP; Faculdade de Medicina Veterinária da USP: FMVZ-USP; Golfo do México: GM; Instituto Oceanográfico da USP: IOUSP; Instituto de Pesca de São Paulo: IPESCA; Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP – Botucatu: LBGP; Número de exemplares: N; Pares de Bases: pb; University of Florida: UF; United States National Museum: USNM.

2.3.2 Coleta de amostras para análises moleculares

Um total de 26 amostras de *U. cirrata* foi obtido, sendo 25 capturadas nas regiões Sudeste e Sul do Brasil entre as latitudes 25°05' S e 34° 30' S, e uma amostra capturada no Golfo do México (28°35' N, 82°20' O). Foram obtidas também 119 amostras de *U. brasiliensis* (Sudeste do Brasil), uma amostra de *U. floridana* (Louisiana, Golfo do México) e uma amostra de *U. regia*, (Cabo Lookout, Carolina do Norte).

As amostras provenientes do Sul e Sudeste do Brasil foram coletadas nos anos de 2015 e 2016, em trabalho de campo nos portos de desembarque das cidades de Santos, São Paulo e Itajaí, Santa Catarina, com o auxílio de pesquisadores e funcionários do IPESCA e do CEPSUL/ICMBio. Foram selecionados cinco vouchers de *U. cirrata* para depósito em coleção (MZUSP 118705). Os exemplares foram capturados por barcos direcionados à pesca na plataforma externa, utilizando como petrecho redes de arrasto de fundo. Fragmentos de tecido de nadadeiras e/ou tecido muscular foram extraídos no momento do desembarque, preservados em etanol 95% e mantidos refrigerados até o momento das análises.

As amostras provenientes do Hemisfério Norte foram doadas por Adela Roa-Varón (USNM). A checagem taxonômica foi realizada pela doadora, não tivemos acesso aos vouchers.

Adicionalmente, foram utilizadas 30 sequências do gene COI retiradas do GenBank representando as demais espécies do gênero, com exceção de *Urophycis earllii*, cuja busca por sequências nos bancos de dados não retornou resultados. Seis sequências do gene COI, também obtidas pelo GenBank, pertencentes à exemplares de *Merluccius hubbsi* e às três espécies do gênero *Phycis* (*Phycis chesteri*, *Phycis phycis* e *Phycis blennoides*) foram utilizadas como grupo externo.

As amostras de tecido obtidas foram depositadas na Coleção Biológica Prof. Edmundo F. Nonato, no IOUSP e réplicas serão depositadas na coleção do LBGP.

2.3.3 Extração do material genético, amplificação e sequenciamento

O DNA genômico foi extraído utilizando o protocolo de extração em placa “Glass-fiber protocol” (Ivanova *et al.*, 2007). As sequências parciais do gene mitocondrial Citocromo Oxidase I (COI) foram realizadas utilizando os primers Fish F2 e Fish R2 descritos por Ward *et al.* (2005). As reações foram realizadas em um volume total de 12,5 µl contendo 1,25 µl de tampão 10x (phONEUTRIA), 0,5 µl de MgCl₂ (50mM), 0,5 µl de dNTPs (200 nM de cada), 0,25 µl de cada primer (5 mM), 0,2 µl de Taq (5U/µl, phONEUTRIA), 2,0 µl de DNA genômico (12 ng) e 7,55 µl de ddH₂O. As amplificações foram realizadas com os seguintes parâmetros de termociclagem: desnaturação inicial a 94° (4 minutos) seguida de 30 ciclos de desnaturação a 94° (30 segundos), anelamento dos primers a 52° (30 segundos) e extensão a 68° (1 minuto), seguidos de uma etapa de extensão final a 68° (10 minutos). Os produtos amplificados foram visualizados em gel de agarose a 1,0% utilizando o corante BlueGreen sob luz azul e purificados utilizando o ExoSap – IT® (USB Corporation). As reações de sequenciamento foram realizadas com o “BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction” (Applied Biosystems), sendo realizada a purificação pelo método de Acetato/EDTA/etanol. O sequenciamento foi realizado em um sequenciador de DNA automático, modelo ABI 3130 – Genetic Analyzer (Applied Biosystems).

2.3.4 Análise das sequências

As sequências obtidas foram analisadas utilizando o programa Geneious Pro 4.8.5 (Drummond *et al.*, 2009) e alinhadas pelo algoritmo Muscle (Edgar, 2004), implementado no Geneious sob os parâmetros default. O índice de saturação de substituição (ISS) descrito por Xia (2003) foi estimado no programa Dambe 5.3.38 (Xia, 2013).

O teste para escolha do melhor modelo de evolução nucleotídica e a análise de Máxima Verossimilhança foram realizados no software Mega v. 6.06 (Tamura *et al.*, 2013). Os métodos heurísticos consistiram em 1000 adições aleatórias utilizando o algoritmo SPR (Subtree Pruning and Regrafting) e o sinal filogenético foi estimado utilizando 1000 réplicas de bootstrap (Felsenstein, 1985).

A inferência bayesiana foi calculada utilizando o software MrBayes 3.2.6 (Huelsenbeck *et al.*, 2001) para cem milhões de gerações de Cadeia Markov Monte Carlo (MCMC) e uma topologia foi amostrada a cada mil gerações, 25% das topologias iniciais foram descartadas, as demais foram utilizadas para a construção da topologia de consenso de maioria utilizando o software Paup 4.0b10 (Swofford, 2002). A topologia final foi editada no software Mega v. 6.06 (Tamura *et al.*, 2013). Para a determinação das distâncias genéticas entre e dentro dos grupos de exemplares foi utilizado o modelo Kimura 2 Parâmetros (K2P) (Kimura, 1980).

2.4 Resultados

2.4.1 Análises morfológicas

Urophycis cirrata (Goode & Bean, 1896)

Gulf hake [Inglês]; Abrótea-olhuda ou abrótea de profundidade [Português]; brótola [Espanhol]

(Figs. 6 A–C; Tabela 3)

Phycis cirratus Goode & Bean, 1896:358, Pl. 88 [descrição original, localidade tipo: Golfo do México, Mississipi, Estados Unidos]; Townsend, 1901:520 [nota de ocorrência]; Galtsoff, 1954: 339/342 [nome em catálogo de parasitas aquáticos e seus hospedeiros].

Urophycis cirratus Jordan & Evermann, 1898: 2553 [nome em catálogo de peixes da América do Norte]; Svetovidov, 1948: 117 [descrição genérica; nota taxonômica].

Urophycis mystaceus Miranda Ribeiro, 1903:189 [descrição original, localidade tipo: Ilha Rasa, Rio de Janeiro], Miranda Ribeiro, 1953:403 [catálogo de exemplares tipo depositados no MNRJ]. **NOVO SINÔNIMO**

Urophycis mystacea Menezes *et al.*, 2003:62 [catálogo de peixes marinhos do Brasil], Melo *et al.*, 2010:31 [checklist de Gadiformes do talude continental brasileiro].

Urophycis cirrata Robins & Ray, 1986:95 [nome em guia de espécies costeiras da América do Norte]; Cohen *et al.*, 1990:85 [catálogo de espécies de

gadiformes da FAO]; Boschung, 1992:73 [nome em catálogo de espécies do Alabama]; Cervigón, 1992:321 [guia de identificação de espécies comerciais], McEachran & Fechhelm, 1998:757 [nome em lista de espécies do Golfo do México], López *et al.*, 2002:63 [nome em guia de ecorregiões da Argentina], Iwamoto & Cohen, 2003:1010 [catálogo de espécies da FAO], Nelson *et al.*, 2004:93 [catálogo de nomes científicos de peixes dos EUA, Canadá e México], Mabragaña *et al.*, 2011: tabela S2 [DNA barcode dos peixes marinhos da Argentina], Page *et al.*, 2013:93 [catálogo de nomes científicos de peixes dos EUA, Canadá e México].

Diagnose. *Urophycis cirrata* pode ser distinguida de seus congêneres pela combinação das seguintes características: primeira nadadeira dorsal não possui raio alongado formando filamento (vs. primeira nadadeira dorsal com raio alongado formando filamento em *U. brasiliensis*, *U. chuss* e *U. tenuis*); raio da nadadeira pélvica alongado formando filamento com 35–58% CP, estendendo-se além da metade da nadadeira anal (vs. raio da nadadeira pélvica formando filamento com 22–30% CP, não se estendendo além do ânus em *U. chuss*, *U. earllei*, *U. floridana*, *U. regia* e *U. tenuis*). Difere também de *U. earllei*, *U. floridana* e *U. regia* por possuir coloração marrom uniforme na porção superior do corpo e pigmentação mais escura nas extremidades da primeira e segunda nadadeiras dorsais e nadadeira caudal (vs. corpo com coloração escura e manchas nas laterais em *U. earllei*; corpo com coloração uniforme, pontos pretos na região do crânio e traços ao longo da linha lateral, primeira nadadeira dorsal com uma mancha escura e distinta margem branca em *U. regia*).

Descrição. Dados morfométricos apresentados na Tabela 3. *Urophycis cirrata* pode atingir 682,0 mm CP (Haimovici *et al.*, 2006); maior espécime examinado com 343,0 mm CP. Corpo alongado, lateralmente comprimido, pedúnculo caudal estreito. Maior altura no primeiro terço do corpo. Cabeça alongada, levemente achatada dorsoventralmente, comprimento cerca de ¼ do CP. Maxila moderadamente proeminente. Focinho curto, cerca de ¼ do comprimento da cabeça, extremidade do focinho arredondada em vista dorsal. Boca terminal; extremidade posterior da maxila alcançando ¾ da margem posterior da órbita. Olhos bem desenvolvidos; margem da órbita livre. Dois pares de narinas distintamente separadas; distância entre narinas aproximadamente mesma distância entre narina posterior e órbita; margem posterior da narina anterior expandida, formando borda epitelial com formato tubular; narina posterior levemente elíptica, com borda epitelial

tubular ausente. Barbilhão mentoniano único, curto e fino, inserido na sínfise dos dentários; comprimento do barbilhão cerca de 1/3 do diâmetro orbital.

Rastros branquiais da fileira anterior do primeiro arco branquial, 3 (22*) no lobo superior; 10 (5), 11 (21*) ou 12 (2) no lobo inferior; total de rastros branquiais 13 (5), 14 (15*), 15 (2). Escamas na linha lateral 81 (1), 84 (1), 86 (3), 88 (1), 92 (1), 93 (3), 96 (2), 100 (5), 106 (1), 108 (1), 111 (1). Escamas acima da linha lateral 6 (1), 7 (4), 8 (9), 10 (1), 11 (1); escamas abaixo da linha lateral 14 (1), 18 (1), 19 (1), 20 (2), 21 (2), 22 (2), 23 (2), 24 (2), 26 (2), 27 (1), 30 (1).

Raios totais da nadadeira peitoral 14 (1), 15 (7*), 16 (5), 17 (6); raios totais da nadadeira pélvica 3 (19*); raios da primeira nadadeira dorsal 7 (1), 8 (1), 9 (2), 10 (4), 11 (14*), 12 (1); raios totais da segunda nadadeira dorsal 54 (1), 57 (2), 58 (1), 59 (4), 61 (4), 62 (3), 63 (3), 64 (1), 65 (1); raios totais da nadadeira anal 48 (1), 49 (1), 50 (2), 51 (2), 52 (4), 53 (3), 54 (2), 56 (1), 57 (1); raios totais da nadadeira caudal 24 (1), 25 (3), 26 (5), 27 (4), 28 (2), 30 (3).

Vértebras pré-caudais 15 (2), 16 (1), 17 (2), vértebras totais 47 (1), 48 (1), 50 (1), 51 (1).

Distribuição. *Urophycis cirrata* é uma espécie demersal, distribuída ao longo da plataforma externa e talude continental do Oceano Atlântico Oeste. Há registros de ocorrência no Hemisfério Norte, em toda a extensão do Golfo do México até o Mar do Caribe, entre as latitudes 30° N e 11° N. No Hemisfério Sul há registros de ocorrência desde o sul do estado do Espírito Santo, Brasil, até a província argentina de Buenos Aires, entre as latitudes 20° S e 40° S. Em ambos os hemisférios há registros da espécie entre 90 e 700 metros de profundidade (Cohen *et al.*, 1990; Haimovici *et al.*, 2008) (Fig. 7).

2.4.2 Análises moleculares

Foram obtidas 26 sequências do gene COI para representantes de quatro espécies do gênero *Urophycis*: 11 sequências de *U. cirrata* (BR), uma sequência de *U. cirrata* (GM), 12 sequências de *U. brasiliensis*, uma sequência de *U. regia* e uma sequência de *U. floridana*. O tamanho das sequências variou entre 467 e 618 pares de bases (pb), com média de 555 pb. As médias das frequências nucleotídicas foram Adenina = 23,5%, Citosina = 29,5%, Guanina = 15,8% e Timina = 31,2%. Adicionalmente, foram utilizadas nas análises uma sequência de *U. cirrata* (GM) proveniente do BOLD e uma sequência de *U. cirrata* (ARG) retirada do GenBank. A

relação de todas as sequências do BOLD e GenBank utilizadas neste trabalho está especificada no Apêndice 2.

Para o cálculo de distância genética entre os exemplares de *Urophycis cirrata* do Golfo do México, Brasil e Argentina, as sequências foram agrupadas de acordo com o local de captura do voucher. As sequências obtidas de *U. brasiliensis* foram incluídas na análise. A análise de distância K2P revelou valores inferiores a 2,0% de divergência entre os grupos de *U. cirrata*. As sequências de *U. cirrata* (GM) divergiram em 0,2% tanto das sequências de *U. cirrata* (BR) quanto de *U. cirrata* (ARG). Entretanto, as sequências de *U. cirrata* (BR) e *U. cirrata* (ARG) tiveram divergência nula entre si. As sequências de *Urophycis brasiliensis* divergiram em média 12,3% dos demais grupos (Tabela 4).

A topologia obtida a partir dos resultados gerados pela análise de Máxima Verossimilhança, elaborada utilizando o modelo de evolução nucleotídica HKY+I (Hasegawa, Kishino e Yano, 1985 + Invariant Sites), revelou um agrupamento coeso que inclui todos os exemplares de *U. cirrata* provenientes do Golfo do México, Brasil e Argentina, apresentando forte suporte estatístico (100% de bootstrap). As duas sequências de *U. floridana* e *U. regia* representaram o grupo externo. A análise Bayesiana recuperou os mesmos resultados, também com alto valor de probabilidade posterior (1,0) (Fig. 8).

Utilizando todas as sequências do gene COI das espécies de *Urophycis* disponíveis no GenBank, foi possível calcular a distância média K2P entre sete espécies válidas do gênero (Tabela 5). A média da distância genética dentro do gênero foi de 11,6%.

A análise filogenética para o conjunto de dados que incluiu todas as sequências disponíveis foi realizada utilizando o modelo de evolução nucleotídica HKY+G+I (Hasegawa, Kishino e Yano, 1985 + Gamma + Invariant Sites). Novamente as análises de Máxima Verossimilhança e Bayesiana revelaram resultados muito similares quanto ao suporte estatístico dos principais clados (Fig. 9).

2.5 Discussão

Tradicionalmente, na literatura, as espécies do gênero *Urophycis* são conhecidas por possuírem um padrão de distribuição antitropical, com uma lacuna de distribuição em regiões tropicais equatoriais, aproximadamente entre as latitudes 16° N e 21° S. Até então, não havia registros da ocorrência das espécies do gênero

entre o Nordeste Brasileiro e o extremo sul do Golfo do México, incluindo a parte norte da América do Sul e o mar do Caribe. Este era um dos fatos que sustentavam o reconhecimento de *U. cirrata* e *U. mystacea* como espécies distintas por alguns autores (e.g., Lemes *et al.*, 2016; Melo *et al.*, 2010; Menezes *et al.*, 2003). Entretanto, a semelhança morfológica entre as espécies foi citada por Miranda Ribeiro (1903) na descrição original de *U. mystacea* e por Cousseau (1993) em seu levantamento de Gadiformes do Oceano Atlântico Sul.

Com exceção de uma variação relativamente pronunciada no comprimento da nadadeira pélvica (35,0% a 58,8% do CP), não foram encontradas diferenças morfológicas significativas entre os exemplares tipo, tampouco entre os exemplares adicionais. Entretanto, um dos fatores observados e que pode justificar esta variação é o crescimento alométrico negativo do filamento pélvico, o qual atinge comprimentos maiores em exemplares juvenis, assim como observado em *U. brasiliensis* (Lemes *et al.*, 2016).

Adicionalmente, o valor de distância genética revelado entre os exemplares de *U. cirrata* do Hemisfério Norte e do Hemisfério Sul (0,2%) é muito inferior ao considerado mínimo para diferenciação interespecífica (2,0%), além de ser também extremamente inferior à média de distância genética entre as espécies dentro do gênero (11,6%). Ambas as análises estatísticas realizadas, Bayesiana e Máxima Verossimilhança, revelaram resultados muito semelhantes quanto ao agrupamento dos exemplares, apresentando altos valores de probabilidade posterior e bootstrap, respectivamente.

Um levantamento detalhado dos bancos de dados das coleções ictiológicas americanas permitiu a verificação de oito lotes de *U. cirrata* coletados no Mar do Caribe, entre 1957 e 1963 pelas expedições do Navio Oregon, e depositados na coleção do USNM. Quatro destes lotes foram verificados quanto à exatidão da identificação taxonômica através de fotografias e radiografias, podendo confirmar a ocorrência de *U. cirrata* na costa da Colômbia, Venezuela e nas ilhas de Trinidad & Tobago (Fig. 7).

A compilação de informações obtidas no presente estudo demonstra que a distribuição antitropical reconhecida para a espécie até então pode não ser válida, havendo a possibilidade de existir ocorrência não registrada da espécie nas regiões Norte e Nordeste do Brasil e em outras regiões do Mar do Caribe. A ocorrência nestas regiões pode não ter sido verificada até então devido à deficiência de

amostragem. Este fato pode indicar que existe fluxo gênico entre as populações dos Hemisférios Norte e Sul, explicando a baixa diferenciação genética observada nos resultados. Entretanto, existe também a possibilidade de que as populações dos Hemisférios Norte e Sul estejam de fato isoladas, porém há tempo insuficiente para causar uma divergência genética significativa.

Com relação à topologia da Figura 9, alguns pontos podem ser destacados. A parafilia observada em *U. floridana* pode estar ligada ao baixo número de amostras ou a problemas de identificação, visto que não houve acesso aos vouchers. Supostamente pode haver diferenciação intraespecífica a ser averiguada. Outro ponto interessante a ser investigado é a parafilia do gênero *Phycis*. Para isto também é necessário analisar um número maior de amostras. Apesar de não fazerem parte do escopo deste trabalho, estes pontos configuram possíveis desdobramentos para pesquisas futuras.

Estudos adicionais são necessários, dado a escassez de informações genéticas e sequências de DNA das espécies de *Urophycis* disponíveis nos bancos de dados online. Apenas duas sequências do gene COI de dois exemplares de *U. cirrata* estão depositadas no BOLD, um exemplar capturado no Golfo do México e um na Argentina. Apenas a sequência pertencente ao exemplar argentino indicou adequadamente a referência para o trabalho (Mabragaña *et al.*, 2011). Estas sequências foram utilizadas em nossas análises para comparação, porém é evidente a necessidade de que mais exemplares sejam coletados e sequenciados. O GenBank conta com apenas uma sequência de COI de *U. cirrata* (Argentina), a mesma depositada no BOLD. As sequências obtidas de *U. cirrata* (Brasil) ainda não foram depositadas e *U. earllii* não possui sequências disponíveis até o momento em nenhum dos bancos de dados.

2.6 Agradecimentos

Ao Acacio Tomás e Gastão Bastos (IPESCA – Santos), à Roberta Santos e Bernardo Cerântola (CEPSUL/ICMBio – Itajaí), pela colaboração no trabalho de campo e na obtenção de exemplares adicionais; ao Aléssio Datovo, Michel Gianetti, Oswaldo Oyakawa e Vinícius Espíndola (MZUSP), Cristiano Moreira (MNRJ), Larry Page e Rob Robbins (UF), pelo apoio de curadoria, empréstimos, trocas e suporte durante as visitas aos museus; à Verônica Slobodian (MZUSP), pela preparação e envio de fotografias e radiografias de material do USNM; à Adela Roa-Varón (USNM) pela doação de tecidos de *Urophycis* do Hemisfério Norte; à Ana Carolina

Fonseca e equipe de Radiologia (FMVZ – USP) pelo auxílio na obtenção de radiografias; ao Claudio Oliveira e equipe (LBGP) por fornecer toda a estrutura laboratorial para as análises moleculares; à CAPES, pela bolsa de mestrado concedida.

2.7 Referências

- BAKER, A.J.; TAVARES, E.S.; ELBOURNE, R.F. 2009. Countering criticisms of single mitochondrial DNA gene barcoding in birds. *Molecular Ecology Resources*, v. 9, Suppl. s1, p. 257-68.
- BAÑON, R.; ARRONTE, J.C.; BARROS-GARCIA, D.; VÁZQUEZ-DORADO, S.; CARLOS, A. 2013. Taxonomic Study of Bathygadidae fishes (Gadiformes) from Atlantic Spanish Waters combining morphological and molecular approaches. *Zootaxa*, v. 3746 (4), p. 552-566.
- BECKER, S.; HANNER, R.; STEINKE, D. 2011. Five years of FISH-BOL: brief status report. *Mitochondrial DNA*, v. 22, Suppl 1, p. 3-9.
- BOSCHUNG, H.T. 1992. Catalogue of freshwater and marine fishes of Alabama. *Alabama Museum of Natural History Bulletin*, n. 14, 266 p.
- CERVIGÓN, F. 1992. Tiburones, Peces batoideos y Peces óseos. *In*: CERVIGÓN F.; CIPRIANI, R.; FISHER, W.; GARIBALDI, L.; HENDRICKX, M.; LEMUS, A.J.; MÁRQUEZ, R.; POUTIERS, J.M.; ROBAINA, G. & RODRÍGUEZ, B. (Eds). Fichas FAO de identificación de especies para los fines de pesca. Guía de campo de las especies comerciales marinas y de aguas salobres de la costa septentrional de Sur América. FAO, Rome, 513 p.
- COHEN, D.M.; INADA, T.; IWAMOTO, T.; SCIALABBA, N. 1990. FAO species catalogue. Vol. 10. Gadiform fishes of the world (Order Gadiformes). An annotated and illustrated catalogue of cods, hakes, grenadiers and other gadiform fishes known to date. Rome: FAO Fisheries Synopsis, No. 125, v.10, 442 p.
- COUSSEAU, M.B. 1993. Las especies del orden gadiformes del Atlántico sudamericano comprendido entre 34° S y 55° S y su relación con las de otras áreas. *Frente Marítimo*, v. 13, p. 7-102.
- DRUMMOND, A.J.; ASHTON, B.; CHEUNG, M.; HELED, J.; KEARSE, M.; MOIR, R.; STONES-HAVAS, S.; THIERER, T.; WILSON, A. 2009. Geneious Pro 4.8.5 [Internet]. Disponível em <http://www.geneious.com>
- EDGAR, R.C. 2004. MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, v. 32, p. 1792-1797.
- FELSENSTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the 600 bootstrap. *Evolution*, v. 39, p. 783-791.
- FREZAL, L.; LEBLOIS, R. 2008. Four years of DNA barcoding: current advances and prospects. *Infect Genet Evol*, v. 8, n. 5, p. 727-736.
- GALTSOFF, P.S. 1954. Gulf of Mexico, its origin, waters, and marine life. US Fish and Wildlife Service, p. 339-342.

- GOODE, G.B.; BEAN, T.H. 1896. Oceanic ichthyology, a treatise on the deep-sea and pelagic fishes of the world, based chiefly upon the collections made by the steamers Blake, Albatross, and Fish Hawk in the northwestern Atlantic, with an atlas containing 417 figures. Special Bulletin of United States National Museum, v. 22, p. 1-26.
- HAIMOVICI, M; ÁVILA-DA-SILVA A. O.; FISCHER L. G. 2006. Diagnóstico e orientações para o ordenamento pesqueiro de *Urophycis mystacea*. In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 86-94.
- HAIMOVICI, M.; ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B.; BERNARDES, R.A.; FISCHER, L.G.; VOOREN, C.N.; SANTOS, R.A.; RODRIGUES, A.R.; SANTOS, S. 2008. Prospecção pesqueira de espécies demersais com rede de arrasto de fundo na Região Sudeste-Sul do Brasil. São Paulo: Instituto Oceanográfico. 185 p.
- HAJIBABAEI, M.; SINGER, G.A.; HEBERT, P.D.; HICKEY, D.A. 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. Trends in Genetics, v. 23, n. 4, p. 167-172.
- HASEGAWA, M.; KISHINO, H.; YANO, T. 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. Journal of molecular evolution, v. 22, n. 2, p. 160-174.
- HEBERT, P.D.N.; CYWINSKA, A.; BALL, S.L.; WARD, J.R. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society B., v. 270, p. 313-322.
- HUELSENBECK, J.P.; RONQUIST F.; NIELSEN R. & BOLLBACK, J.P. 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology. Science, v. 294, p. 2310-2314.
- IVANOVA, N.V.; ZEMLAK, T.S.; HANNER, R.H.; HEBERT, P.D.N. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. Molecular Ecology Notes, v. 7, n. 4, p. 544-548.
- IWAMOTO, T.; COHEN, D.M. 2003. Phycidae, Gaidropsaridae, Merlucciidae, and Gadidae. In: CARPENTER, K.E. (Ed). The living marine resources of the Western Central Atlantic. Vol. 2: Bony fishes, Part 1 (Acipenseridae to Grammatidae). FAO species identification guide for fishery purposes and American Society of Ichthyologist and Herpetologists Special Publication, No. 5. FAO, Rome, p. 1005-1025.
- JORDAN, D.S.; EVERMAN, B.W. 1898. The fishes of North and middle America: A descriptive catalogue of the species of fish-like vertebrates found in the waters of North America, North of the Isthmus of Panama - Part III. Washington: Smithsonian Institution, Bull. U. S. Nat. Mus., n.47, pt.3, 3136 p.

- KIMURA, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, v. 16, p. 111-120.
- LEMES, P.C.R.; LOEB, M.V.; SANTIFICETUR, C.; MELO, M.R.S. 2016. Redescription of *U. brasiliensis* (Kaup, 1858), a senior synonym of *U. latus* Miranda Ribeiro, 1903 (Gadiformes: Phycidae). *Zootaxa*, v. 4084, p. 507-518.
- LÓPEZ, H.L.; MORGAN, C.C.; MONTENEGRO, M.J. 2002. Ichthyological ecoregions of Argentina. *ProBiota, FCNyM, UNLP. Series Técnica y Didáctica*, n. 1, p. 1-68.
- MABRAGAÑA, E.J.; ASTARLOA, M.D.; HANNER, R.; ZHANG, J.; CASTRO, M.G. 2011. DNA barcoding identifies Argentine fishes from marine and brackish waters. *PLoS ONE*, v. 6 (issue 12), p. 1-45.
- MANWELL, C.; BAKER, C.M. 1963. A sibling species of sea cucumber discovered by starch gel electrophoresis. *Comparative Biochemistry and Physiology*, v. 10, p. 39-53.
- MARTINS R.S.; HAIMOVICI, M. 2000. Determinação de idade, crescimento e longevidade da abrótea-de-profundidade, *U. cirrata* Goode & Bean, 1896, (Teleostei: Phycidae) no extremo sul do Brasil. *Atlântica, Rio Grande*, v. 22, p. 55-70.
- MCEACHRAN, J.D.; FECHHELM, J.D. 1998. Fishes of the Gulf of Mexico. Volume 1: Myxiniiformes to Gasterosteiformes. Univ. of Texas Press, Austin, 1112 p.
- MELO, M.R.S.; BRAGA, A.C.G.; NUNAN, W.A.; COSTA, P.A.S. 2010. On new collections of deep-sea Gadiformes (Actinopterygii: Teleostei) from the Brazilian continental slope, between 11° and 23°S. *Zootaxa*, v. 2433, p. 25-46.
- MENEZES, N.A.; BUCKUP, P.A.; FIGUEIREDO, J.L.; MOURA, R.L. 2003. Catálogo das espécies de peixes marinhos do Brasil. Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo. 159 p.
- MIRANDA RIBEIRO, A. 1903. Pescas do "Annie". *Boletim Sociedade Nacional Agricultura*, v. 4-7, p. 150-196.
- MIRANDA RIBEIRO, A. 1915. Fauna brasiliense. Peixes. Tomo V. Physoclisti. *Arquivos do Museu Nacional de Rio de Janeiro*, v. 17, p. 1-679, 31 Pls.
- MUSICK, J.A. 1973. A meristic and morphometric comparison of the hakes, *U. chuss* and *U. Tenuis* (Pisces, Gadidae). *Fishery Bulletin*. v. 71, n. 02, p. 479-488.
- NELSON, J.S.; CROSSMAN, E.J.; ESPINOSA PÉREZ, H.; FINDLEY, L.T.; GILBERT, C.R.; LEA, R.N.; WILLIAMS, J.D. 2004. Common and scientific names of fishes from the United States, Canada, and Mexico. American Fisheries Society, Special Publication 29. Bethesda, Maryland. 6th ed, 386 p.
- PADIAL, J.M.; MIRALLES, A.; DE LA RIVA, I.; VENCES, M. 2010. The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*, v. 7, n. 16, 14 p.
- PAGE, L.M.; ESPINOSA-PÉREZ, H.; FINDLEY, L.D.; GILBERT, C.R. ; LEA, R.N.; MANDRAK, N.E.; MAYDEN, R.L.; NELSON, J.S. 2013. Common and scientific

- names of fishes from the United States, Canada, and Mexico. Seventh Edition. American Fisheries Society, Special Publication 34. 7th ed, 384 p.
- RIBEIRO, A.O. 2012. Identificação molecular de peixes marinhos das regiões Sudeste e Sul do Brasil com ênfase no estado de São Paulo. Dissertação de mestrado, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 81 p.
- ROBINS, C.R.; RAY, G.C. 1986. A Field Guide to Atlantic Coast Fishes. The Peterson Field Guides Series 32, United States of America, 354 p.
- SVETOVIDOV, A.N. 1948. Fauna of the U.S.S.R. Zoological Institute of the Academy of Sciences of the U. S. S. R. New Series, 34. National Science Foundation, Washington, D. C., Israel Program for Scientific Translations, Jerusalem, 304 p. [Tradução para o inglês de SVETOVIDOV, A.N. 1948. Treskoobraznye. Zoologicheskii Institut Akademii NAUK SSSR. New Series No. 34, Izdatel'stvo Akademii Nauk, Moskva, Leningrad, 304 p.]
- SWOFFORD, D.L. 2002. PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods). Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- TAMURA, K.; STECHER, G.; PETERSON, D.; FILIPSKI, A.; KUMAR, S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Molecular biology and evolution, v. 30, n.12, p. 2725-2729.
- TELETCHÉA, F.; LAUDET, V.; HANNI, C. 2006. Phylogeny of the Gadidae (*sensu* Svetovidov, 1948) based on their morphology and two mitochondrial genes. Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 38, p. 189-199.
- TOWNSEND, C.H. 1901. Dredging and other records of the United States Fish Commission Steamer Albatross, with bibliography relative to the work of the vessel. Washington: U. S. Commission of Fish and Fisheries, p. 387-562.
- VON DER HEYDEN & MATTHEE, 2008. Towards resolving familial relationships within the Gadiformes and the resurrection of the Lyconidae. Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 48, p. 764-769.
- WAUGH, J. 2007. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. Bioessays, v. 29, n. 2, p. 188-97.
- WARD, R.D.; ZEMLAK, T.S.; INNES, B.H.; LAST, P.R.; HEBERT, P.D. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences, v. 360, n. 1462, p. 1847-1857.
- XIA, X; XIE, Z; SALEMI, M.; CHEN, L.; WANG, Y. 2003. An index of substitution saturation and its application. Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 26, p. 1-7.
- XIA, X. 2013. DAMBE5: a comprehensive software package for data analysis in molecular biology and evolution. Molecular Biology and Evolution, v 30, p. 1720-1728.

Capítulo 3. Práticas para amplificação da região controle do DNA mitocondrial da abrótea *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858)

3.1 Resumo

As abróteas do gênero *Urophycis* que ocorrem no Atlântico Sul, *U. brasiliensis* e *U. cirrata*, representam importante recurso pesqueiro nas regiões Sudeste e Sul do Brasil e Argentina, sendo exploradas em conjunto. Entretanto, não há monitoramento adequado da pesca e muitos aspectos da biologia das espécies são desconhecidos. Estudos filogeográficos nunca foram realizados para nenhuma das espécies do gênero. O objetivo deste trabalho foi testar mecanismos de amplificação e sequenciamento da região controle do DNA mitocondrial de *Urophycis brasiliensis*. Foram realizados testes de amplificação da região controle utilizando diferentes primers descritos para peixes e elasmobrânquios, além do desenho de primers baseando-se no alinhamento de sequências de espécies de Gadiformes relacionadas.

Palavras chave: região controle; manejo pesqueiro; Gadiformes, abrótea.

3.2 Introdução

Conhecidas comumente como abróteas, *Urophycis brasiliensis* (Kaup, 1858) e *Urophycis cirrata* (Goode e Bean, 1896), as duas únicas espécies do gênero que ocorrem na costa brasileira, são amplamente exploradas pela pesca marinha na plataforma continental. *Urophycis brasiliensis* é explorada principalmente como fauna acompanhante na pesca do camarão. Como já mencionado anteriormente, apesar da importância comercial, não há efetivo monitoramento da pesca destas espécies. Poucos estudos foram realizados e muitos aspectos de sua biologia, tais como isolamento genético, formação ou não de agregação reprodutiva e padrões de distribuição populacional, são desconhecidos (Peres & Haimovici, 1998; Haimovici *et al.*, 2008).

Conhecimento acerca da estruturação populacional de espécies exploradas pela pesca é um dos pilares para uma gestão eficaz, uma vez que estoques geograficamente diferenciados podem exigir estratégias de manejo distintas. Assim, a utilização dos recursos pesqueiros de maneira sustentável depende da identificação destes estoques. A segregação de indivíduos da mesma espécie em diferentes unidades reprodutivas permite detectar diferenças genéticas que refletem a magnitude do isolamento reprodutivo entre as populações (Keeney, 2004; Bonfil, 2005; Heist, 2004).

A generalização quanto à homogeneidade do ambiente marinho e à existência de menos barreiras vicariantes, quando comparado aos ambientes dulcícolas, pode favorecer a sobreexploração de espécies e o comprometimento de estoques locais (Ward *et al.*, 1994; Smith *et al.*, 1990; Kuusipalo, 1999). É importante ainda ressaltar que espécies marinhas distintas são frequentemente exploradas em conjunto, o que pode levar a estimativas incorretas de biomassa explorável, intensificando o risco de sobreexploração. A pesca das abróteas *U. brasiliensis* e *U. cirrata* representa um exemplo desta prática (Camhi *et al.*, 1998; Haimovici *et al.*, 2006).

Desde a proposição do termo filogeografia por Avise *et al.* (1987), a aplicação de técnicas moleculares na análise de problemas relativos à genética de populações e à sistemática filogenética tem aumentado consideravelmente. A filogeografia é entendida como o estudo dos princípios e processos que determinam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas dentro e/ou entre espécies proximamente relacionadas e tem sido amplamente utilizada como ferramenta para

descrição de diversos eventos históricos, como fragmentação de habitats e expansão de áreas de distribuição de espécies e populações (Avice, 1987; Hardy *et al.*, 2002).

O desenvolvimento da filogeografia como vertente da biogeografia histórica é relativamente recente e aconteceu graças ao progresso das técnicas de biologia molecular. O desenvolvimento de técnicas de sequenciamento de DNA mitocondrial (mtDNA) permitiu analisar a variabilidade genética em nível populacional e em eventos de separação de espécies relativamente recentes (Avice, 2000; Avice, 2009). O mtDNA apresenta características peculiares, como herança exclusivamente materna, raros eventos de recombinação, ausência de íntrons, pseudogenes e histonas associadas, o que favorece altas taxas de mutações. Assim, o mtDNA mostrou-se mais eficiente em escala microevolutiva que os marcadores nucleares e vem sendo amplamente utilizado para estudos filogeográficos nas últimas duas décadas (Anderson *et al.*, 1995; Avice, 2009; Brown *et al.*, 1979; Lewin, 1994; Wolfe *et al.*, 1987).

A região controle do mtDNA encontra-se entre as regiões codificadoras de dois RNAs transportadores (tRNA), o da Prolina (tRNA-Pro) e o da Fenilalanina (tRNA-Phe). Denominada região controle por ser responsável pela regulação da replicação e transcrição em todo o mtDNA, é um fragmento de comprimento variável, não codificador de proteínas e que possui uma taxa de evolução entre 2 a 5 vezes maior que os demais genes mitocondriais codificadores. Devido a estas características a região controle é amplamente explorada em estudos populacionais (Aquadro & Greenberg, 1983; Avice, 1986; Meyer, 1993), sendo por este motivo escolhida como alvo para os testes realizados neste trabalho.

Em Gadiformes, a maioria dos estudos envolvendo mtDNA se restringe a caracterização de genes, descrição do genoma mitocondrial completo e esclarecimento de relações filogenéticas (*e.g.*, Bañón *et al.*, 2013; Coulson *et al.*, 2006; Roques *et al.*, 2006; Von Der Heyden & Matthee, 2008). Apenas um estudo foi realizado analisando diferenças intraespecíficas, utilizando a região controle de *Lota lota* (Linnaeus, 1758) em algumas regiões da Europa e Alaska (Van Houdt *et al.*, 2005). Assim, não existem na literatura, métodos estabelecidos para amplificação da região controle de nenhuma das espécies de *Urophycis*.

Considerando o contexto de capturas não sustentáveis de *U. brasiliensis*, já evidenciado em literatura (Andrade *et al.*, 2004), a necessidade de geração de

dados biológicos desta espécie e a ausência de primers espécie-específicos, o objetivo deste trabalho foi testar mecanismos de amplificação e sequenciamento da região controle do DNA mitocondrial de *Urophycis brasiliensis*, utilizando primers descritos em literatura para outros peixes e elasmobrânquios, bem como primers desenvolvidos para Gadiformes filogeneticamente relacionados à esta espécie.

3.3 Material e Métodos

Abreviações utilizadas ao longo do texto: Coleção Biológica Prof. Edmundo F. Nonato: COLBio; Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior: CAPES; Centro de Pesquisa e Conservação da Biodiversidade Marinha do Sudeste e Sul do Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade: CEPESUL/ICMBio; Instituto Oceanográfico da USP: IOUSP; Instituto de Pesca de São Paulo: IPESCA; Laboratório de Biologia e Genética de Peixes da UNESP – Botucatu: LBGP; Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo: MZUSP.

3.3.1 Coleta de amostras

Um total de 119 amostras de *Urophycis brasiliensis* foi coletado em sete pontos, nas regiões Sudeste e Sul do Brasil, entre as latitudes 23° S e 34° S (Fig. 10, Tabela 6). Os exemplares foram obtidos entre 2015 e 2016 nos portos de desembarque das cidades de Santos – SP, Cananéia – SP, Ubatuba – SP e Itajaí – SC, com o auxílio de pesquisadores e funcionários do IPESCA – Santos e do CEPESUL/ICMBio – Itajaí. Foram depositados 43 exemplares como vouchers na coleção do MZUSP (Lotes: MZUSP 118699, 118700, 118701, 118702, 118702, 118703, 118704).

Fragmentos de tecido de nadadeiras e/ou tecido muscular foram extraídos no momento do desembarque, preservados em etanol 95% e mantidos refrigerados até o momento das análises. As amostras de tecido foram depositadas na COLBio, no IOUSP e réplicas serão depositadas na coleção do LBGP.

3.3.2 Extração do material genético

O DNA genômico foi extraído utilizando o método de extração em placa “Glass-fiber protocol” descrito por Ivanova *et al.*, (2007).

3.3.3 Amplificação

Foram realizados diversos testes para as reações de amplificação da região controle do DNA mitocondrial de *U. brasiliensis*, utilizando diferentes conjuntos de primers, além de dois tipos de Taq Polimerase, conforme descrito abaixo.

Primers: Foram utilizados para os testes iniciais primers descritos na literatura (Tabela 7) e amplamente utilizados em estudos populacionais para peixes e elasmobrânquios.

Adicionalmente, houve uma busca por primers utilizados para espécies filogeneticamente relacionadas a *U. brasiliensis*. Para isto foi realizado um alinhamento de sequências de Gadiformes disponíveis no GenBank. A busca foi realizada utilizando como parâmetro a classificação de Teletchea *et al.* (2006) (Fig. 11). Dentre as sequências disponíveis para Gadiformes, não foram encontradas sequências de nenhum representante das subfamílias Gaidropsarinae e Phycinae. As sequências encontradas contendo o genoma mitocondrial completo são de espécies comerciais do Atlântico Norte pertencentes à subfamília Gadinae – *Gadus morhua* Linnaeus, 1758, *Gadus ogac* Richardson, 1836, *Theragra chalcogramma* (Pallas, 1814), *Arctogadus glacialis* (Peters, 1872), *Melanogrammus aeglefinus* (Linnaeus, 1758), *Merlangius merlangus* (Linnaeus, 1758), *Boreogadus saida* (Lepechin, 1774), *Pollachius pollachius* (Linnaeus, 1758), *Pollachius virens* (Linnaeus, 1758) e *Micromesistius poutassou* (Risso, 1827) – e Lotinae – *Lota lota* (Linnaeus 1758). (Breines *et al.*, 2008; Coucheron *et al.*, 2011; Coulson *et al.*, 2006; Johansen & Bakke, 1996; Roques *et al.*, 2006; Van Houdt *et al.*, 2005; Yanagimoto *et al.*, 2004; Zhang *et al.*, 2014)

As sequências utilizadas para o alinhamento foram as correspondentes à região controle e aos dois RNAs transportadores que flanqueiam a região controle (tRNA-Pro e tRNA-Phe). As sequências foram alinhadas utilizando o algoritmo ClustalW (Larkin *et al.*, 2007), implementado no website do EMBL-European Bioinformatics Institute (McWilliam *et al.*, 2013). O alinhamento totalizou 1247 pares de bases e foi visualizado no programa Bioedit (Hall, 2011). Regiões conservadas foram identificadas na maioria das sequências analisadas, nas regiões tRNA-Pro e tRNA-Phe. A partir destas regiões, identificamos as sequências dos primers forward L19ProGm e reverse H17Phe (Fig. 12), já descritos em literatura por Van Houdt *et al.* (2005) para a espécie *Lota lota*. Neste trabalho, os autores utilizaram também o primer interno HDL4. Devido à correspondência destes primers com as regiões conservadas observadas no alinhamento, consideramos válida a tentativa de utilizá-los em nossas reações. A síntese destes primers foi realizada pela empresa Thermo Fischer Scientific.

Números de acesso GenBank das sequências utilizadas no alinhamento: *Gadus morhua*: HG514359.1; *Pollachius pollachius*: NC015097.1, FR751400.1; *Pollachius virens*: NC015094.1, FR751399.1; *Micromesistius poutassou*: NC015102.1, FR741401.1; *Melanogrammus aeglefinus*: DQ020497.1; *Lota lota*: AP004412.1, NC004379.1, KM201364.1, KM363244.1, KC844053.1; *Theragra chalcogramma*: AB182305.1, AB182306.1, AB182307.1, AB182308.1; *Boreogadus saida*: NC010121.1; *Arctogadus glacialis*: NC010122.1, AM919429.1.

Reações: Foram adotados protocolos gerais para as reações de amplificação e para os parâmetros de termociclagem, os quais foram sofrendo alterações à medida que os resultados eram revelados.

Testes com Taq Polimerase phONEUTRIA (PHT): As reações foram realizadas em um volume total de 12,5 µl contendo 1,25 µl de tampão 10x (phONEUTRIA), 0,5 µl de MgCl₂ (50mM), 0,5 µl de dNTPs (200 mM de cada), 0,25 µl de cada primer (5 mM), 0,2 µl de Taq (5U/µl, phONEUTRIA). A quantidade de DNA genômico utilizada variou entre 1,0 µl e 3,0 µl e a quantidade de ddH₂O variou entre 6,55 µl e 8,55 µl de acordo com a quantidade de DNA, mantendo o volume final da reação em 12,5 µl. Os parâmetros gerais de termociclagem foram: desnaturação inicial a 94° (4 minutos) seguida de 30 ciclos de desnaturação a 94° (45 segundos), anelamento dos primers a (48°–54°) (45 segundos) e extensão a 68° (1 minuto), seguidos de uma etapa de extensão final a 68° (10 minutos).

Testes com Taq Polimerase Invitrogen™ Platinum™: As reações foram realizadas em um volume total de 12,5 µl contendo 1,25 µl de tampão 10x (Invitrogen™), 0,375 µl de MgCl₂ (50mM), 0,2 µl de dNTPs (200 mM de cada), 0,25 µl de cada primer (forward e reverse) (5 mM), 0,05 µl de Taq (Invitrogen™ Platinum™). A quantidade de DNA genômico utilizada variou entre 1,0 µl e 3,0 µl e a quantidade de ddH₂O variou entre 7,125 µl e 9,125 µl de acordo com a quantidade de DNA, mantendo o volume final da reação em 12,5 µl. Os parâmetros gerais de termociclagem foram: desnaturação inicial a 94° (4 minutos) seguida de 30 ciclos de desnaturação a 94° (45 segundos), anelamento dos primers a (48°–54°) (45 segundos) e extensão a 72° (1 minuto), seguidos de uma etapa de extensão final a 72° (10 minutos).

Para os testes, foram utilizadas diferentes temperaturas de anelamento, variando entre 48° e 54° e a quantidade de ciclos variando entre 30 e 35. As seguintes rampas de temperaturas foram testadas: 5 ciclos a 48° (45 segundos)

seguidos por 30 ciclos a 54° (45 segundos) e 30 ciclos a 54° (45 segundos) seguidos por 5 ciclos a 48° (45 segundos).

Os resultados foram visualizados em gel de agarose a 1,0% utilizando o corante BlueGreen sob luz azul. As amostras consideradas bem sucedidas na etapa de amplificação foram purificadas utilizando o ExoSap-IT® (USB Corporation).

3.3.4 Sequenciamento

As reações de sequenciamento foram realizadas com o “BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction” (Applied Biosystems), sendo realizada a purificação pelo método de Acetato/EDTA/etanol. O sequenciamento foi realizado em um sequenciador de DNA automático, modelo ABI 3130-Genetic Analyzer (Applied Biosystems).

A análise e edição das sequências obtidas foram realizadas utilizando o programa Geneious Pro 4.8.5 (Drummond *et al.*, 2009).

As sequências editadas foram comparadas com sequências disponíveis no National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank através da ferramenta BLASTn (Johnson *et al.*, 2008). A comparação foi realizada utilizando dois algoritmos distintos, o Megablast, que busca sequências com 95% de identidade ou mais; e o Discontiguous megablast, mais indicado para análises interespecíficas, que busca sequências com menor similaridade, desconsiderando algumas bases.

3.4 Resultados

Foram realizadas, no total, 812 reações de amplificação utilizando todas as combinações possíveis entre os nove primers iniciais já descritos. Os parâmetros de termociclagem foram alterados principalmente quanto à temperatura de anelamento dos primers e duração dos ciclos. De modo geral, as reações utilizando Taq PHT, temperaturas mais altas de desnaturação, anelamento e extensão juntamente com ciclos mais longos forneceram resultados melhores. Entretanto, em todas as reações foi verificada a presença de sub-bandas e restos de reagente em diferentes graus de intensidade.

3.4.1 Amplificações

Os testes iniciais foram realizados com os dois tipos de Taq, utilizando 1,0 ul de DNA e a dupla de primers DLAD/DLBD (Montoya *et al.*, 2002), com os seguintes parâmetros de termociclagem: desnaturação inicial a 94° (5 minutos) seguida de 30 ciclos de desnaturação a 94° (45 segundos), anelamento dos primers a 50° (45

segundos) e extensão a 68°/72° (1 minuto), seguidos de uma etapa de extensão final a 68°/72° (10 minutos). Em seguida, foram preparadas reações com 2,0 ul de DNA, e a temperatura de anelamento foi aumentada para 52° e 54°, enquanto os demais parâmetros de termociclagem permaneceram inalterados. Os resultados obtidos utilizando estes métodos foram bastante similares, revelando forte arrasto e muitos restos de reagentes (Fig. 13).

A seguir foram testadas duas rampas de temperaturas de anelamento, também utilizando os dois tipos de Taq e a mesma dupla de primers, DLAB/DLBD. A quantidade de DNA utilizada foi de 1,0 ul. Algumas bandas puderam ser observadas. A reação submetida a 30 ciclos a 54° (45 segundos) seguidos por 5 ciclos a 48° (45 segundos) forneceu melhores resultados, porém ainda inespecíficos (Fig. 14). Estes parâmetros de termociclagem foram repetidos com amostras diferentes, aumentando a quantidade de DNA para 2,0 ul e 3,0 ul. Nas reações com maior quantidade de DNA os resultados foram negativos, nenhuma banda foi observada.

Foi realizado um teste utilizando seis combinações de primers, as Taqs PHT e Platinum e dois parâmetros de termociclagem. Estas reações foram preparadas com 2 ul de DNA. As combinações de primers foram: FTTF/F12R, A1/PERC12, DLAD/DLBD, DLAD/CR1, DLFT/DLRT e DLAD/F12R. Os parâmetros de termociclagem foram: A - Desnaturação inicial a 94° (5 minutos) seguida de 35 ciclos de desnaturação a 94° (1 minuto), anelamento dos primers a 52° (1 minuto) e extensão a 68°/72° (2 minutos), seguidos de uma etapa de extensão final a 68°/72° (8 minutos); e B - Desnaturação inicial a 94° (5 minutos) seguida de 5 ciclos de desnaturação a 94° (45 segundos), anelamento dos primers a 48° (45 segundos) e extensão a 68°/72° (1 minuto), 30 ciclos de desnaturação a 94° (45 segundos), anelamento dos primers a 54° (45 segundos) e extensão a 68°/72° (1 minuto), seguidos de uma etapa de extensão final a 68°/72° (10 minutos).

A combinação de primers que forneceu os melhores resultados foi FTTF/F12R (Sivasundar *et al.*, 2001) nas reações utilizando Taq PHT, e os parâmetros de termociclagem A. A visualização do gel demonstrou que alguns fragmentos com tamanhos de cerca de 1000 pares de bases (pb) foram amplificados. A reação utilizando os primers DLAD/DLBD (Montoya *et al.*, 2002) amplificou um fragmento menor, com cerca de 500 pb (Fig. 15). As reações utilizando os parâmetros de termociclagem B e as reações com Taq Platinum não revelaram resultados positivos.

Em seguida, foram realizados testes com os primers L19ProGm/H17Phe (Van Houdt *et al.*, 2005). Esta reação foi preparada com Taq PHT, utilizando 2,0 ul de DNA e os parâmetros de termociclagem melhor sucedidos até então: desnaturação inicial a 94° (5 minutos) seguida de 35 ciclos de desnaturação a 94° (1 minuto), anelamento dos primers a 52° (1 minuto) e extensão a 68° (2 minutos), seguidos de uma etapa de extensão final a 68° (8 minutos). O primer interno HDL4 foi desenvolvido por Van Houdt *et al.* (2005) no intuito de obter um fragmento adicional da região controle, no momento do sequenciamento. Sintetizamos este primer com o mesmo objetivo, entretanto devido aos resultados observados, o teste acima foi repetido utilizando o primer HDL4 como reverse para o primer L19ProGm. Para os dois testes os resultados não foram satisfatórios (Fig. 16).

É importante ressaltar que todos os testes descritos acima foram realizados mais de uma vez e com diferentes amostras.

3.4.2 Sequenciamentos

Oito amostras foram sequenciadas utilizando os primers FTTF/F12R e duas amostras utilizando os primers DLAD/DLBD. Os sequenciamentos utilizando os primers DLAD/DLBD não foram bem sucedidos (Fig. 17).

Para os primers FTTF/F12R, o sequenciamento apresentou resultados melhores. Duas das sequências forward (F) amplificadas com o primer FTTF mostraram resultados aceitáveis de sequenciamento, porém as sequências reverse (R), amplificadas com o primer F12R, forneceram um fragmento geralmente mais curto, com maior incidência de erros e picos mal definidos. Mesmo para os melhores resultados observados nos sequenciamentos (Fig. 18), não foi possível fazer a correspondência (Contig) entre as sequências F e R, visto que não havia sobreposição (Fig. 19).

Após a edição, fragmentos gerados com a utilização do primer FTTF ficaram com cerca de 570 pares de bases. Na comparação com os dados disponíveis no GenBank utilizando o algoritmo Megablast não foi encontrada nenhuma sequência com similaridade significativa. Entretanto, utilizando o algoritmo Discontiguous megablast foi possível verificar similaridade de mais de 70% com sequências que continham tRNA-Pro e a fragmentos da região controle do mtDNA de outras espécies de Gadiformes: *Merluccius productus* (Ayres, 1855) e *Merluccius gayi gayi* (Guichenot, 1848).

3.5 Discussão

Os resultados observados apontam que o primer FTTF pode ser uma boa indicação para a amplificação da região controle de espécies de *Urophycis*. Apesar de não ter fornecido resultados positivos de amplificação para todas as amostras testadas, os resultados do sequenciamento e das comparações utilizando BLASTn demonstram que este primer merece ser melhor explorado em estudos posteriores.

Sivasundar *et al.* (2001), esclarece que as sequências geradas pelo primer FTTF se iniciam na metade 3' do tRNA da Treonina (tRNA-Thr), uma região mais conservada anterior ao tRNA-Pro, e que foram necessários dois primers internos, além de F12R, para amplificar completamente a região controle incluindo o tRNA-Phe em espécies de água doce do gênero *Prochilodus* (Prochilodontidae: Characiformes). No trabalho de Sivasundar *et al.* (2001), a região controle completa juntamente com os flaqueadores tRNA-Thr, tRNA-Pro e tRNA-Phe totaliza cerca de 1250 pb. Como os fragmentos visualizados em nossos testes utilizando estes primers possuem aproximadamente 1000 pb, uma hipótese é que o primer F12R esteja se acoplando no terminal 3' internamente na região controle. Como esta região é hipervariável (Meyer, 1993), é possível que nem sempre o anelamento de F12R seja bem sucedido, dificultando a amplificação de todas as amostras. Isto pode justificar também o fato de F12R não ter fornecido resultados equivalentes ao FTTF em qualidade do sequenciamento.

Os resultados de BLASTn, ainda que utilizando o algoritmo de menor similaridade, apresentaram evidências de que a amplificação de ao menos um fragmento da região controle foi bem sucedida utilizando o primer FTTF. A espécie recuperada com mais de 70% de similaridade, *Merluccius productus*, teve o fragmento completo da região controle sequenciado para estudos de avaliação de dois estoques distintos na costa do Canadá, no Oceano Pacífico (King *et al.*, 2012). Neste trabalho, os autores evidenciam dificuldade em encontrar, na literatura, primers descritos para amplificação da região controle em uma única reação, sendo que para algumas amostras foi necessária a amplificação de dois fragmentos separadamente, usando diferentes primers. Porém, houve esforços para o desenvolvimento de primers que permitissem uma amplificação mais robusta em uma única reação, buscando regiões conservadas no alinhamento de sequências do genoma mitocondrial de espécies relacionadas. Método similar a um dos métodos empregados no presente estudo, inclusive utilizando sequências de *Gadus morhua*

(AM489716.1), *Melanogrammus aeglefinus* (DQ020497.1) e *Merlangius merlangus* (DQ020496.1) para o alinhamento.

Variações no comprimento da região controle foram evidenciadas para diversas espécies de peixes (Lee *et al.*, 1995; Bentzen *et al.*, 1998; Brown *et al.*, 1996; Hoarau *et al.*, 2002). Estas variações se devem principalmente à presença de sucessivas repetições em algumas regiões, o que dificulta substancialmente a realização das reações de amplificação utilizando primers descritos para espécies diferentes (Meyer, 1993). As dificuldades de amplificação da região controle em uma única reação e utilizando primers universais foram reportadas em trabalhos para peixes ósseos (*e.g.*, King *et al.*, 2012) e elasmobrânquios (*e.g.*, Castro *et al.*, 2007), sendo bastante comum ocorrer falhas nas tentativas iniciais, que são posteriormente contornadas com a utilização de primers internos complementares.

Em consequência dos limites de tempo e investimentos disponíveis terem sido alcançados, não foi possível a realização de testes adicionais. Entretanto, os resultados indicam que maiores esforços no desenvolvimento de primers espécie-específicos, principalmente primers reverse com anelamento na região tRNA-Phe ou 12s, podem ser uma boa alternativa para o sucesso das amplificações. Possíveis desdobramentos deste trabalho incluem análises utilizando outros marcadores moleculares mitocondriais e nucleares ou ainda o sequenciamento do genoma mitocondrial completo da espécie.

3.6 Agradecimentos

Ao Acacio Tomás e Gastão Bastos (IPESCA – Santos), à Roberta Santos e Bernardo Cerântola (CEPSUL/ICMBio – Itajaí), pela colaboração no trabalho de campo e na obtenção de exemplares adicionais; ao Aléssio Datovo e Michel Gianetti (MZUSP), pelo apoio no depósito dos vouchers; à Mônica Petti e equipe da COLBIO, pelo apoio no depósito dos tecidos; ao Claudio Oliveira, Najila Nolie e Millke Morales (LBGP) por fornecer toda a estrutura laboratorial, treinamento e auxílio para as análises moleculares; à CAPES, pela bolsa de mestrado concedida.

3.7 Referências

- ANDERSON, T.J.C; KOMUNIECKI, R; KOMUNIECKI, P.R.; JAENIKE, J. 1995. Are mitochondria paternally inherited in *Ascaris*? *Int. J. Parasitol.*, v. 25, p. 1001-1004.
- ANDRADE, H.A.; DUARTE PEREIRA, M.; ABREU SILVA, J.L. 2004. Idade e crescimento da abrótea (*Urophycis brasiliensis*) capturada no Sul do Brasil. *Notas Técnicas FACIMAR*, v. 8, p. 107-117.

- AQUADRO, C.F. & GREENBERG, B.D. 1983. Human mitochondrial DNA variation and evolution: Analysis of nucleotide sequences from seven individuals. *Genetics*, v. 103, p. 287-312.
- AVISE, J.C. 1986. Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals. *Phil. Trans. Soc. Lond. B*, p. 325-342.
- AVISE, J.C.; ARNOLD, J.; BALL, R.M. JR.; BERMINGHAM, E.; LAMB, T.; NEIGEL, J. E.; REEB, C.A.; SAUNDERS, N.C. 1987. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetic and systematics. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, v. 18, p. 489-522.
- AVISE, J.C. 2000. *Phylogeography: The history and formation of species*. Harvard University Press, Londres, 407 p.
- AVISE, J.C. 2009. Retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, v. 36, p. 3-15.
- BAÑON, R.; ARRONTE, J.C.; BARROS-GARCIA, D.; VÁZQUEZ-DORADO, S.; CARLOS, A. 2013. Taxonomic Study of Bathygadidae fishes (Gadiformes) from Atlantic Spanish Waters combining morphological and molecular approaches. *Zootaxa*, v. 3746 (4), p. 552-566.
- BENTZEN, P.; WRIGHT, J.L.; BRYDEN, L.T.; SARGENT, M.; ZWANENBURG, K.C.T. 1998. Tandem repeat polymorphism and heteroplasmy in the mitochondrial control region of redfishes (Sebastes: Scorpaenidae). *Journal of Heredity*, v. 89, p. 1-7.
- BONFIL, R. 2005. The purpose of stock assessment and the objectives of fisheries management. *In*: MUSICK, J.A.; BONFIL, R. *Management techniques for elasmobranch fisheries*. Rome: 19 FAO Fisheries Technical Paper, v. 474, 6 p.
- BREINES, R.; URSVIK, A.; NYMARK, M.; JOHANSEN, S.D.; COUCHERON, D.H. 2008. Complete mitochondrial genome sequences of the Arctic Ocean codfishes *Arctogadus glacialis* and *Boreogadus saida* reveal oriL and tRNA gene duplications. *Polar Biology*, v. 31, n. 10, p. 1245-1252.
- BROWN, J.R.; BECKENBACH, K.; BECKENBACH, A.T.; SMITH, M.J. 1996. Length variation, heteroplasmy and sequence divergence in the mitochondrial DNA of four species of sturgeon (*Acipenser*). *Genetics*, v. 142, p. 525-535.
- BROWN, W.M.; GEORGE, M. JR.; WILSON, A.C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc Nat Acad Sci USA*, v. 76, p. 1967-1971.
- CAMHI, M.S. 1998. *Sharks and their relatives. Ecology and Conservation*. Occasional Paper of the IUCN Species Survival Commission, n. 20.
- CAO, Y.; WADDELL, P.J.; OKADA, N.; HASEGAWA, M. 1998. The complete mitochondrial DNA sequence of the shark *Mustelus manazo*: evaluating rooting contradictions to living bony vertebrates. *Molecular Biology Evolutionary*, v. 12, p. 1637-1646.

- CASTRO, A.L.F.; STEWART, B.S.; WILSON, S.G.; HUETER, R.E.; MEEKAN, M.G.; MOTTA, P.J.; KARL, S.A. 2007. Population genetic structure of Earth's largest fish, the whale shark (*Rhincodon typus*). *Molecular Ecology*, v. 16, n. 24, p. 5183-5192.
- COUCHERON, D.H.; NYMARK, M.; BREINES, R.; KARLSEN, B.O.; ANDREASSEN, M.; JORGENSEN, T.E.; JOHANSEN, S.D. 2011. Characterization of mitochondrial mRNAs in codfish reveals unique features compared to mammals. *Current genetics*, v. 57, n. 3, p. 213-222.
- COULSON, M.W.; MARSHALL, H.D.; PEPIN, P.; CARR, S.M. 2006. Mitochondrial genomics of gadine fishes: implications for taxonomy and biogeographic origins from whole-genome datasets. *Genome*, v. 49, p. 1115-1130.
- DRUMMOND, A.J.; ASHTON, B.; CHEUNG, M.; HELED, J.; KEARSE, M.; MOIR, R.; STONES-HAVAS, S.; THIERER, T.; WILSON, A. 2009. Geneious Pro 4.8.5 [Internet]. Disponível em <http://www.geneious.com>
- FERGUSON, J.W.H. 2002. On the use of genetic divergence for identifying species. *Biological Journal of the Linnean Society*, v. 75, p. 509-516.
- FRÉZAL, L.; LEBLOIS, R. 2008. Four years of DNA barcoding: current advances and prospects. *Infection, Genetics and Evolution*, v. 8, p. 727-736.
- GRISSI, C.; REYES, A.; PESOLE, G.; SACCONI, C. 2000. Lineage-specific evolutionary rate in mammalian 28 mtDNA. *Molecular Biology and Evolution*, v. 17, n. 7, p. 1022-1031.
- HAIMOVICI, M.; ÁVILA-DA-SILVA A. O.; FISCHER L. G. 2006. Diagnóstico e orientações para o ordenamento pesqueiro de *Urophycis mystacea*. In: CERGOLE, M.C.; ÁVILA-DA-SILVA, A.O. & ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B. (Eds). *Análise das Principais Pescarias Comerciais da Região Sudeste-Sul do Brasil: dinâmica populacional das espécies em exploração*. São Paulo, Instituto Oceanográfico – USP. (Série Documentos Revizee – Score Sul), v. 1, p. 86-94.
- HAIMOVICI, M.; ROSSI-WONGTSCHOWSKI, C.L.D.B.; BERNARDES, R.A.; FISCHER, L.G.; VOOREN, C.N.; SANTOS, R.A.; RODRIGUES, A.R.; SANTOS, S. 2008. Prospecção pesqueira de espécies demersais com rede de arrasto de fundo na Região Sudeste-Sul do Brasil. São Paulo: Instituto Oceanográfico. 185 p.
- HALL, T. 2011. BioEdit: an important software for molecular biology. *GERF Bull. Biosci.* v. 2, p. 60-61.
- HARDY, M. E.; GRADY, J. M.; ROUTMAN, E.J. 2002. Intraspecific phylogeography of the slender madtom: the complex evolutionary history of the Central Highlands of United States. *Molecular Ecology*, v. 11, p. 2393-2403.
- HEIST, E.J. 2004. Genetics: stock identification. In: MUSICK, J.A; BONFIL, R. *Elasmobranch fisheries management techniques*. Singapore: APEC Fisheries Working Group, IUCN.

- HOARAU, G.; HOLLA, S.; LESCASSE, R.; STAM, W.T.; OLSEN, J.L. 2002. Heteroplasmy and evidence for recombination in the mitochondrial control region of the flatfish *Platichthys flesus*. *Molecular Biology and Evolution*, v. 19, p. 2261-2264.
- HOELZEL, A.R.; HANCOCK, J.M.; DOVER, G.A. 1991 Evolution of the cetacean mitochondrial D-loop region. *Mol Biol Evol*, v. 8, p. 475-493.
- IVANOVA, N.V.; ZEMLAK, T.S.; HANNER, R.H.; HEBERT, P.D.N. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, v. 7, n. 4, p. 544-548.
- JOHANSEN, S.; BAKKE, I. 1996. The complete mitochondrial DNA sequence of Atlantic cod (*Gadus morhua*): relevance to taxonomic studies among codfishes. *Molecular marine biology and biotechnology*, v. 5, n. 3, p. 203-214.
- JOHNSON, M.; ZARETSKAYA, I.; RAYTSELIS, Y.; MERZHUH, Y.; MCGINNIS, S.; MADDEN, T.L. 2008. NCBI BLAST: a better web interface. *Nucleic acids research*, v. 36, suppl 2, p. W5-W9.
- KEENEY, D.B. 2004. Population genetics and phylogeography of the blacktip shark (*Carcharhinus limbatus*). Carbondale, Southern Illinois University.
- KING, J.R.; MCFARLANE, G.A.; JONES, S.R.; GILMORE, S.R.; ABBOTT, C.L. 2012. Stock delineation of migratory and resident Pacific hake in Canadian waters. *Fisheries Research*, v. 114, p. 19-30.
- KUUSIPALO, L. 1999. Genetic differentiation of endemic nile perch *Lates niloticus* (Centropomidae, Pisces) populations in Lake Tanganyika suggested by RAPD markers. *Hydrobiologia*, v. 407, p. 141-148.
- LARKIN, M.A.; BLACKSHIELDS, G.; BROWN, N.P.; CHENNA, R.; MCGETTIGAN, P.A.; MCWILLIAM, H.; THOMPSON, J.D. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, v. 23, n. 21, p. 2947-2948.
- LEE, W.J.; CONROY, J.; HOWELL, W.H.; KOCHER, T.D. 1995. Structure and evolution of teleost mitochondrial control regions. *J Mol Evol*, v. 41, p. 54-66.
- LEWIN, B.; GENES, V. 1994. Oxford University Press Inc., New York, 1236 p.
- MCWILLIAM, H.; LI, W.; ULUDAG, M.; SQUIZZATO, S.; PARK, Y.M.; BUSO, N.; LOPEZ, R. 2013. Analysis tool web services from the EMBL-EBI. *Nucleic acids research*, v. 41, n. W1, p. W597-W600.
- MEYER, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. *In*: HOCHACHKA, P.W.; MOMMSEN, T.P. (eds) *Biochemistry and molecular biology of fishes*, vol. 2. Elsevier, Amsterdam, pp. 1-38.
- MONTOYA-BURGOS, J.I.; WEBER, C.; LE BAIL, P.Y. 2002. Phylogenetic relationships within *Hypostomus* (Siluriformes: Loricariidae) and related genera based on mitochondrial D-loop sequences. *Revue suisse de Zoologie*, v. 109, n. 2, p. 369-382.

- ORREGO, L.E.O. 2012. Análise filogeográfica de *Brachyplatystoma platynemum* (Siluriformes: Pimelodidae). Tese de Doutorado, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 89 p.
- PERES, M.B.; HAIMOVICI, M. 1998. A pesca dirigida do cherne-poveiro *Polyprion americanus* (Poliprionidae - Teleostei) no Sul do Brasil. Rio Grande: Atlântica, v. 20, p. 141-161.
- ROQUES, S.; FOX, C.J.; VILLASANA, M.I.; RICO, C. 2006. The complete mitochondrial genome of the whiting, *Merlangius merlangus* and the haddock, *Melanogrammus aeglefinus*: A detailed genomic comparison among closely related species of the Gadidae family. Gene, v. 383, p. 12-23.
- SANTA BRÍGIDA, E.L.; CUNHA, D.B.; REGO, P.S.; SAMPAIO, I.; SCHNEIDER, H.; VALLINOTO, M. 2007. Population analysis of *Scomberomorus cavalla* (Cuvier, 1829) (Perciformes, Scombridae) from the Northern and Northeastern coast of Brazil. Braz J Biol, v. 67, p. 919-924.
- SMITH, P.J.; JAMIESON, A.; BIRLEY, A.J. 1990. Eletrophoretic studies and stock concept in marine teleosts. J. Cons. Int. Explor. Mer., v. 47. p. 231-328.
- SIVASUNDAR, A.; BERMINGHAM, E.; ORTÍ, G. 2001. Population structure and biogeography of migratory freshwater fishes (Prochilodus: Characiformes) in major South American rivers. Mol. Ecol., v. 10, p. 407-417.
- TELETCHÉA, F.; LAUDET, V.; HANNI, C. 2006. Phylogeny of the Gadidae (*sensu* Svetovidov, 1948) based on their morphology and two mitochondrial genes. Mol. Phylogenet. Evol., v. 38, p. 189-199.
- VAN HOUDT, J.K.J.; DE CLEYN, L.; PERRETTI, A.; VOLCKAERT, F.A.M. 2005. A mitogenic view on the evolutionary history of the Holarctic freshwater gadoid, burbot (*Lota lota*). Molecular Ecology, v. 14, n. 8, p. 2445-2457.
- VON DER HEYDEN & MATTHEE, 2008. Towards resolving familial relationships within the Gadiformes and the resurrection of the Lyconidae. Molecular Phylogenetics and Evolution, v. 48, p. 764-769.
- WARD, E.D.; WOODWARK, M.; SKIBINSKI, D.O.F. 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. Journal of Fish Biology, v. 44, n. 2, p. 213-232.
- WOLFE, K.H.; LI, W.H.; SHARP, P.M. 1987. Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, v. 84, p. 9054-9058.
- YANAGIMOTO, T.; KITAMURA, T.; KOBAYASHI, T. 2004. Complete nucleotide sequence and variation of mitochondrial DNA from 10 individuals of walleye pollock, *Theragra chalcogramma*. Fisheries science, v. 70, n. 5, p. 885-895.
- ZHANG, N.; SONG, N.; GAO, T. 2014. The complete mitochondrial genome of *Lota lota* (Gadiformes: Gadidae). Mitochondrial DNA Part A, v. 27, n. 2, p. 1437-1438.

4. Considerações finais

Duas espécies do gênero *Urophycis* possuem registros de ocorrência em águas brasileiras, a abrótea, *Urophycis brasiliensis* com distribuição restrita a águas mais rasas da plataforma continental, entre 30 e 100 metros de profundidade, e a abrótea de profundidade, *Urophycis cirrata*, que ocorre na plataforma externa e quebra de talude continental, entre 90 e 700 metros de profundidade. As duas espécies são amplamente exploradas pela frota pesqueira brasileira e, devido a sua estratégia de vida somada ao monitoramento indevido da pesca, estão altamente suscetíveis à sobreexploração, sendo que capturas não sustentáveis foram evidenciadas em literatura ainda no início dos anos 2000.

O presente estudo forneceu importantes contribuições na geração de dados acerca da biologia das duas espécies. Com base em modificações dos protocolos existentes na literatura e na extensa análise de material comparativo realizada ao longo deste trabalho, foi apresentado um protocolo de medidas e contagens para identificação das espécies do gênero *Urophycis*.

Por meio de comparações morfológicas dos exemplares tipo e de exemplares adicionais, foi possível verificar que as duas espécies de *Urophycis* descritas por Miranda Ribeiro (1903) em águas brasileiras, *U. latus* e *U. mystacea*, são na realidade sinônimos de espécies já descritas anteriormente, *U. brasiliensis* (Kaup, 1858) e *U. cirrata* (Goode & Bean, 1896), respectivamente. Adicionalmente, para a sinonímia entre *U. mystacea* e *U. cirrata*, foram empregadas técnicas de identificação molecular, mais especificamente, o sequenciamento do gene citocromo oxidase I (COI), até então nunca utilizadas para a espécie.

Foi realizada uma compilação de informações e uma extensa análise de material em coleções ictiológicas brasileiras e, em menor escala, em coleções americanas, possibilitando a construção de mapas de distribuição atualizados para as duas espécies, inclusive permitindo a verificação de pontos de ocorrência até então não registrados para *U. cirrata* no Mar do Caribe.

Ademais, foi gerada uma contribuição inicial na escolha de primers e outros parâmetros para a amplificação da região controle do DNA mitocondrial de *Urophycis brasiliensis*, e que futuramente, podem auxiliar em estudos populacionais com marcadores moleculares de DNA mitocondrial.

Assim, considerando a importância ecológica e econômica das espécies do gênero *Urophycis* na costa brasileira, e ainda o contexto de exploração destas

espécies, a realização de estudos de aspectos de sua biologia, primordialmente dos limites taxonômicos e de distribuição, como realizados neste trabalho, contribuem efetivamente para a ampliação do conhecimento do grupo. As informações resultantes são essenciais para auxiliar na adequada gestão da pesca e potencial formulação de medidas de conservação.

5. Lista de figuras

Figura 1. Pontos homólogos representados no corpo e cabeça, utilizados para obtenção dos dados morfométricos. A descrição dos pontos está detalhada na Tabela 1.

Figura 2. *Urophycis brasiliensis*: (A) Lectótipo (MNHN 1996-1375, 331,9 mm CP); (B) holótipo de *Laemonema longifilis* (modificado de Günther, 1880); (C) holótipo de *U. latus* (MNRJ 1523, 186,4 mm CP); (D) exemplar recém coletado (MZUSP 118704, 392,5 mm CP).

Figura 3. Relação entre o (A) filamento pélvico (% CP, N = 31), (B) filamento dorsal (% CP, N = 28) e o comprimento padrão (CP) em *Urophycis brasiliensis*, demonstrando a significância estatística do crescimento alométrico negativo destas estruturas ($p < 0,05$).

Figura 4. Fotografias (acima) e ilustrações (abaixo) do otólito sagitta de *Urophycis brasiliensis* em vista lateral e dorsal (espécime esquerdo 14.5.URBR.RA1G.C.E29/L1.3, 295,0 mm CT; espécime direito 4.5.URBR.RA1G.CR.E2/L2.1, 466,0 mm CT).

Figura 5. Mapa da distribuição conhecida de *Urophycis brasiliensis*. Pontos pretos representam o material comparativo; a estrela verde indica a localidade tipo de *U. brasiliensis*; o losango rosa indica a localidade tipo de *Laemonema longifilis*; e o triângulo vermelho indica a localidade tipo de *U. latus*. Apenas os estados brasileiros onde a espécie ocorre estão indicados na figura. Abreviação: OAS = Oceano Atlântico Sul.

Figura 6. *Urophycis cirrata*: (A) Holótipo (USNM 35059, 305,3 mm CP, adaptado de Raredon, S., National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, disponível em: <http://n2t.net/ark:/65665/3730570f4-34e6-47bf-85ed-a8d2490da68e>); (B) Lectótipo de *U. mystacea* (MNRJ 1709, 235,0 mm CP, adaptado de Brito, V.); (C) exemplar recém coletado (MZUSP 118705, 387,0 mm CP).

Figura 7. Mapa da distribuição conhecida de *Urophycis cirrata*. Pontos pretos indicam o material comparativo; a estrela verde indica a localidade tipo de *U. cirrata*; o triângulo vermelho indica a localidade tipo de *U. mystacea*. Abreviações: OAN = Oceano Atlântico Norte, OAS = Oceano Atlântico Sul, TT = Trinidad & Tobago.

Figura 8. Topologia inferida utilizando as análises de Máxima Verossimilhança e Bayesiana. Ambas agruparam, com forte suporte estatístico, exemplares de *U. cirrata* das três localidades.

Figura 9. Filogenia de *Urophycis* inferida utilizando Máxima Verossimilhança e Análise Bayesiana. Apenas valores de bootstrap > 70% e probabilidade posterior > 0,70 estão mostrados na figura.

Figura 10. Localização dos pontos de coleta de *Urophycis brasiliensis* ao longo da costa brasileira.

Figura 11. Classificação de Teletchea *et al.*, 2006. Gadidae: ABDCD; Gadinae: A; Lotinae: B; Gaidropsarinae: C; Phycinae: D; Merluccidae: E.

Figura 12. Alinhamento de seqüências de partes do genoma mitocondrial (A: tRNA-Pro; B: tRNA-Phe) de espécies de Gadiformes disponíveis no GenBank. As letras indicam nucleotídeos (A = adenina, T = timina, C = citosina, G = guanina) que variam de acordo com as mudanças encontradas entre as espécies. Os pontos indicam a não variação da base, de acordo com a seqüência da primeira espécie listada. * Seqüência reverse complementar do primer H17Phe. O retângulo cinza destaca a posição da seqüência do primer no alinhamento.

Figura 13. Testes iniciais com os primers DLAD/DLBD. A e B: Taq PHT, anelamento a 50°, 1,0 ul de DNA. C e D: Taq Platinum, anelamento a 50°, 1,0 ul de DNA. E: Taq PHT, anelamento a 52°, 2,0 ul de DNA. F: Taq Platinum, anelamento a 52°, 2,0 ul de DNA.

Figura 14. Testes com diferentes rampas de temperatura, utilizando 1,0 ul de DNA. A: Taq PHT e B: Taq Platinum; rampa de temperatura: 5 ciclos a 48° (45 segundos) seguidos por 30 ciclos a 54° (45 segundos). C: Taq PHT e D: Taq Platinum; rampa de temperatura: 30 ciclos a 54° (45 segundos) seguidos por 5 ciclos a 48° (45 segundos).

Figura 16. Resultados positivos revelados no teste de primers. Reação preparada utilizando Taq PHT e 2,0 ul de DNA.

Figura 15. Testes utilizando Taq PHT e 2,0 ul de DNA. A: primers L19ProGm/L17Phe; B: L19ProGm/HDL4.

Figura 17. Eletroferograma bruto de sequências obtidas utilizando os primers DLAD/DLBD. A: sequência forward; B: sequência reverse.

Figura 18. Eletroferograma bruto de seqüências obtidas utilizando os primers FTTF (A) e F12R (B). Melhores resultados observados entre as amostras sequenciadas.

Figura 19. Contig das seqüências F e R ilustradas na figura 18.

6. Lista de tabelas

Pontos	Definição
1	Ponta do focinho
2	Extremidade posterior da nadadeira caudal
3	Meio da vertical que cruza a extremidade posterior dos hipurais
4	Extremidade posterior do opérculo (osso)
5	Origem da nadadeira peitoral
6	Extremidade distal da nadadeira peitoral
7	Origem da primeira nadadeira dorsal (base do raio anterior da 1ª nadadeira dorsal)
7'	Ponto contralateral à origem da primeira nadadeira dorsal
8	Inserção da primeira nadadeira dorsal
9	Extremidade distal do raio mais longo da 1ª nadadeira dorsal
10	Origem da nadadeira pélvica
11	Extremidade distal do raio mais longo da nadadeira pélvica
12	Origem da nadadeira anal (base do raio anterior da nadadeira anal)
13	Inserção na nadadeira anal
14	Origem da segunda nadadeira dorsal (base do raio anterior da 2ª nadadeira dorsal)
15	Inserção da segunda nadadeira dorsal
16	Margem anterior da órbita
17	Margem posterior da órbita
18	Extremidade posterior da maxila
19	Inserção do barbilhão
20	Extremidade distal do barbilhão
21	Extremidade posterior do dentário
22	Margem superior da órbita
23	Ânus

Tabela 1. Definição dos pontos homólogos (Fig. 1).

Pontos	Medida	MNHN 2015-0334 Lectótipo de <i>U. brasiliensis</i>	MNHN 1996-1375 Paralectótipo de <i>U. brasiliensis</i>	MNRJ 1523 Holótipo de <i>U. latus</i>	N	Variação	Média	DP
1 – 3	Comprimento Padrão	331,9	366,3	186,4	31	72,8 – 484,0	261,4	–
1 – 4	Comprimento da Cabeça	80,5	81,4	45,4	30	20,5 – 119,6	64,1	–
Porcentagem do CP								
7 – 7'	Altura do corpo	16,4	14,0	21,7	30	14,0 – 21,9	47,6	2,7
13 – 15	Altura do pedúnculo caudal	5,0	4,5	5,5	31	3,9 – 5,6	4,9	0,4
7 – 8	Base da 1ª dorsal	5,3	5,4	6,3	31	3,7 – 6,9	5,6	0,6
14 – 15	Base da 2ª dorsal	60,5	61,0	66,8	31	49,5 – 67,5	62,4	3,6
12 – 13	Base da anal	45,0	45,8	47,7	31	38,2 – 54,1	47,0	3,4
5 – 6	Comprimento da peitoral	13,4	14,1	13,9	31	11,3 – 17,4	14,5	1,6
10 – 11	Comprimento da pélvica	50,8	41,0	47,2	31	34,7 – 61,5	48,7	6,5
1 – 7	Distância pré-dorsal	27,1	26,1	25,5	31	23,0 – 31,9	27,0	1,6
1 – 12	Distância pré-anal	48,6	42,1	47,1	31	37,5 – 56,5	46,8	3,8
1 – 5	Distância pré-peitoral	25,9	25,0	25,0	31	21,0 – 28,1	25,8	1,4
1 – 10	Distância pré-pélvica	17,4	19,7	20,3	31	17,0 – 24,2	20,5	1,8
7 – 9	Filamento dorsal	32,1	–	27,7	28	16,7 – 45,0	33,0	8,3
10 – 23	Distância pélvica-ânus	–	–	–	29	22,5 – 37,4	28,0	3,7
Porcentagem do CC								
16 – 17	Diâmetro orbital	14,7	16,7	17,7	30	13,4 – 22,3	17,1	2,8
1 – 16	Comprimento do focinho	26,0	25,5	26,9	29	24,4 – 32,8	28,6	2,0
17 – 4	Distância pós-orbital	59,7	57,8	59,8	30	45,8 – 59,7	53,9	3,6
19 – 20	Comprimento do barbilhão	12,7	8,4	12,6	29	7,6 – 18,7	13,5	2,7
22 – 22'	Distância interorbital	22,7	24,4	–	29	21,5 – 26,4	23,7	1,3
1 – 18	Maxila	46,9	49,3	52,4	30	45,4 – 55,7	49,5	2,2
19 – 21	Dentário	43,3	41,5	42,4	29	39,5 – 61,8	51,2	5,4

Tabela 2. Dados morfométricos de *Urophycis brasiliensis*.

Pontos	Medida	USNM 39059 Holótipo de <i>U. cirrata</i>	MNRJ 1709A Lectótipo de <i>U. mystacea</i>	MNRJ 1709 (1) Paralectótipo de <i>U. mystacea</i>	N	Variação	Média	DP
1 – 3	Comprimento Padrão	305,3	235,0	293,0	21	127,5 – 343,0	200,8	–
1 – 4	Comprimento da Cabeça	78,7	58,5	72,9	21	31,4 – 86,9	49,7	–
Porcentagem do CP								
7 – 7'	Altura do corpo	15,1	14,3	18,7	21	14,3 – 24,0	18,1	2,2
13 – 15	Altura do pedúnculo caudal	–	4,3	3,9	21	3,4 – 4,5	4,0	0,3
7 – 8	Base da 1ª dorsal	7,6	7,6	8,6	21	6,6 – 10,7	8,6	1,0
14 – 15	Base da 2ª dorsal	–	58,5	55,4	21	43,5 – 53,1	48,0	2,5
12 – 13	Base da anal	–	46,9	46,1	21	43,1 – 55,5	48,1	3,1
5 – 6	Comprimento da nadadeira peitoral	14,9	15,6	16,0	21	14,9 – 18,3	16,7	1,1
10 – 11	Comprimento da pélvica	38,7	48,3	45,7	21	35,0 – 58,8	50,6	6,4
1 – 7	Distância pré-dorsal	26,6	26,3	27,1	21	25,0 – 29,0	27,0	0,9
1 – 12	Distância pré-anal	54,2	52,3	51,0	21	45,6 – 54,2	49,6	2,3
1 – 5	Distância pré-peitoral	–	25,6	26,6	21	25,0 – 28,8	26,6	0,8
1 – 10	Distância pré-pélvica	–	21,4	23,1	21	18,7 – 23,1	21,2	1,2
10 – 23	Distância pélvica-ânus	–	33,5	31,7	21	25,9 – 34,2	29,5	2,5
Porcentagem do CC								
16 – 17	Diâmetro orbital	23,9	23,5	21,9	21	22,0 – 31,5	26,5	2,8
1 – 16	Comprimento do focinho	24,9	24,8	27,0	21	24,0 – 29,8	26,6	1,4
17 – 4	Distância pós-orbital	48,6	55,2	53,9	21	45,3 – 57,2	50,7	3,1
19 – 20	Comprimento do barbilhão	4,6	5,2	–	21	3,4 – 11,6	7,9	2,4
22 – 22'	Distância interorbital	11,9	19,9	20,6	21	11,9 – 24,0	20,2	3,0
1 – 18	Maxila	47,5	50,7	52,4	21	47,5 – 55,6	52,1	2,2
19 – 21	Dentário	56,8	56,7	50,9	20	46,4 – 56,8	50,7	3,3

Tabela 3. Dados morfométricos de *Urophycis cirrata*.

	<i>Urophycis brasiliensis</i>	<i>Urophycis cirrata</i> (BR)	<i>Urophycis cirrata</i> (ARG)	<i>Urophycis cirrata</i> (GM)
<i>Urophycis brasiliensis</i>	-	3,4	3,5	3,4
<i>Urophycis cirrata</i> (BR)	12,8	-	0,2	0,0
<i>Urophycis cirrata</i> (ARG)	12,8	0,0	-	0,2
<i>Urophycis cirrata</i> (GM)	11,3	0,2	0,2	-

Tabela 4. Distâncias genéticas (K2P) entre grupos de exemplares com diferentes locais de coleta, expressas em porcentagem, na diagonal inferior. Valores na diagonal superior representam o desvio padrão. Abreviações: ARG=Argentina; BR=Brasil; GM=Golfo do México.

	<i>Urophycis chuss</i>	<i>Urophycis tenuis</i>	<i>Urophycis floridana</i>	<i>Urophycis regia</i>	<i>Urophycis brasiliensis</i>	<i>Urophycis cirrata</i> (BR)	<i>Urophycis cirrata</i> (GM)
<i>Urophycis chuss</i>	-	1,4	1,2	1,5	1,6	1,8	1,6
<i>Urophycis tenuis</i>	10,4	-	1,4	2,1	1,6	1,7	1,5
<i>Urophycis floridana</i>	9,8	11,3	-	1,6	1,4	1,7	1,6
<i>Urophycis regia</i>	10,7	15,1	13,4	-	1,8	2,4	2,2
<i>Urophycis brasiliensis</i>	10,8	10,8	10,8	12,0	-	1,8	1,6
<i>Urophycis cirrata</i> (BR)	12,2	10,9	13,2	17,2	12,0	-	0,1
<i>Urophycis cirrata</i> (GM)	11,6	10,3	12,9	16,1	11,3	0,2	-

Tabela 5. Distâncias genéticas (K2P) entre sete exemplares do gênero *Urophycis* expressas em porcentagem na diagonal inferior. Valores na diagonal superior representam o desvio padrão.

Ponto	Localidade	N
A	Rio de Janeiro – RJ	10
B	Ilhabela – SP	11
C	Santos – SP	57
D	Cananeia – SP	5
E	Paranaguá – PR	30
F	Itajaí – SC	30
G	Chuí – RS	6

Tabela 6. Localidades e número de exemplares de *Urophycis brasiliensis* coletados.

Primer	Sequência	Referência
DLAD	5' TCC YAC CCC TAA CTC CCA AAG 3'	Montoya <i>et al.</i> , 2002
DLBD	5' AGC RYC GGT CTT GTA ATC CG 3'	Montoya <i>et al.</i> , 2002
FTTF	5' GCC TAA GAG CAT CGG TCT TGT AA 3'	Sivasundar <i>et al.</i> , 2001
F12R	5' GTC AGG ACC ATG CCT TTG TG 3'	Sivasundar <i>et al.</i> , 2001
CR1	5' ACT GTA AGA AGG GCG TAC GAT GGT 3'	Orrego, 2012
Perc12S1	5' GCG GAT ACT TGC ATG TGT AA 3'	Santa Brígida <i>et al.</i> , 2007
A1	5' TTC CAC CTC TAA CTC CCA AAG CTA G 3'	Lee <i>et al.</i> , 1995
DLFT	5' CTC CCA AAG CCA AGA TTC TG 3'	Cao <i>et al.</i> , 1998
DLRT	5' GGC TTA GCA AGG TGT CTT CTT 3'	Cao <i>et al.</i> , 1998
L19ProGm	5' CCA CTA GCT CCC AAA GCT AGA 3'	Van Houdt <i>et al.</i> , 2005
H17Phe	5' ACT TTC TAG GGT CCA TCC TA 3'	Van Houdt <i>et al.</i> , 2005
HDL4	5' GAT TTA GGA TTT ATG TAC TCC 3'	Van Houdt <i>et al.</i> , 2005

Tabela 7. Primers utilizados para os testes de amplificação da região controle.

Apêndice 1. Material examinado: Gênero *Urophycis*

Otolitos sagittae de *Urophycis brasiliensis*. (02 exemplares)

14.5.URBR.RA1G.C.E29/L1.3 (295,0 mm CT); 4.5.URBR.RA1G.CR.E2/L2.1 (466,0 mm CT).

***Urophycis brasiliensis*.** (269 exemplares) MNHN 2015-0334 (1, 331,9 mm CP), aqui designado lectótipo, Montevideo, Uruguai, 35°48' S; 55°01' O; MNHN 1996-1375 (1, 366,3 mm CP), coletado juntamente com MNHN 179c-6-2, aqui designado paralectótipo; INIDEP 14 (2, 142,0–173 mm CP), Mar del Plata, Argentina, 38°00' S, 57°20' O (examinado por fotografias); MNRJ 1523 (holótipo de *U. latus*, 186,4 mm CP), Ilha Rasa, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil, 23°04' S, 43°08' O [coordenadas inferidas]; MNRJ 3335 (2, 226,7–243,0 mm CP), 30 milhas ao largo das Ilhas Tijucas, Rio de Janeiro, Brasil, 23°11' S, 43°17' O [coordenadas inferidas]; MNRJ 43798 (1, 362,0 mm CP), 500 m ao largo da Ilha dos Pombos, Rio de Janeiro, Brasil; MZUSP 14219 (2, 133,9–177,0 mm CP), Tramandaí, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°57' S, 50°07' O; MZUSP 40220 (5, 73,8–120,7 mm CP), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°08' S, 50°43' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1677; MZUSP 40221 (4, 141,5–210,8 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°51' S, 51°26' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1940; MZUSP 45395 (2, 75,7–131,4 mm CP), Guarujá, São Paulo, Brasil, 23°99' S, 46°25' O; MZUSP 47527 (1, 132,9 mm CP), Guarujá, São Paulo, Brasil, 24°30' S, 45°47' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 60431 (1, 58,4 mm CP), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°09' S, 50°43' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1725 BT; MZUSP 60432 (1, 82,4 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°45' S, 50°21' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1886 BT; MZUSP 60433 (2, 135,9–136,9 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°12' S, 49°35' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1681; MZUSP 60434 (2, 80,5–101,9 mm CP), Itajaí, Santa Catarina, Brasil, 26°52' S, 48°30' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1181; MZUSP 60435 (1, 88,5 mm CP), Aguas Dulces, Uruguai, 34°24' S, 52°46' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1879; MZUSP 60436 (1, 134,6 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°57' S, 52°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1644, MZUSP 60437 (2, 93,2–96,5), Cananeia, São Paulo, Brasil, 25°18' S, 47°37' O; MZUSP 60450 (1, 207,8 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°58' S, 52°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1738; MZUSP 60451 (1, 151,3 mm

CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°46' S, 53°15' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1931; MZUSP 60452 (1, 166,6 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°16' S, 51°30' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1942; MZUSP 60453 (2, 187,5–206,0 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°02' S, 49°45' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1859; MZUSP 60454 (1, 190,0 mm CP), Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, 27°45' S, 47°33' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1050; MZUSP 60455 (1, 355,0 mm CP), Santa Vitória do Palmar, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°13' S, 51°47' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1893BT; MZUSP 60457 (1, 158,0 mm CP), 33°45' S, 53°15' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1886; MZUSP 60458 (4, 137,0–190,0 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°20' S, 53°47' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1932; MZUSP 60459 (3, 117,2–134,8 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°34' S, 52°18' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1933; MZUSP 60460 (3, 123,8–267,0 mm CP), Punta del Diablo, Uruguai, 34°13' S, 53°07' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1926; MZUSP 60461 (3, 164,0–205,5 mm CP), Santa Vitória do Palmar, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°22' S, 52°47' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1651; MZUSP 60462 (2, 179,7–191,5 mm CP), Curral Alto, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°15' S, 51°55' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1747; MZUSP 60463 (2, 191,0–298,0 mm CP), Balneário Pinhal, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°32' S, 49°20' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 296; MZUSP 60464 (4, 207,0–267,0 mm CP), Rio Grande do Sul, Brasil; MZUSP 60466 (1, 205,8 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 34°00' S, 52°43' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1885; MZUSP 60467 (1, 311,0 mm CP), Santa Vitória do Palmar, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°35' S, 52°17' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1888; MZUSP 60468 (4, 134,1–299,0 mm CP), Punta del Este, Uruguai, 35°00' S, 54°49' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1915; MZUSP 60469 (2, 101,7–153,3 mm CP), Guarujá São Paulo, Brasil, 24°18' S, 46°05' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 60470 (1, 170,0 mm CP), Maldonado, Uruguai, 35°30' S, 53°46' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1917; MZUSP 60471 (5, 160,3–172,8 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°27' S, 51°06' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1941; MZUSP 60472 (1, 206,3 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°01' S, 49°51' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1722; MZUSP 60473 (3, 130,0–169,0 mm CP), Curral Alto, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°12' S, 51°57' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1936; MZUSP 60474 (3, 142,7–207,8 mm CP), Bojuru, Rio Grande do Sul,

Brasil, 31°15' S, 51°25' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1669; MZUSP 60475 (3, 146,0–164,0 mm CP), Maria de Lourdes, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°27' S, 52°21' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1660; MZUSP 60476 (2, 172,0–158,1 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°20' S, 51°22' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1662; MZUSP 60477 (2, 143,1–145,4 mm CP), Curral Alto, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°28' S, 51°27' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1935; MZUSP 60478 (1, 183,2 mm CP), Itajaí, Santa Catarina, Brasil, 26°48' S, 47°42' O, N. Oc. W. Besnard, Estação indisponível; MZUSP 60479 (1, 224,5 mm CP), Ilhabela, São Paulo, Brasil, 24°45' S, 44°52' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1031; MZUSP 60480 (2, 144,6–145,1 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°19' S, 52°45' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1877; MZUSP 60481 (2, 153,9–183,6 mm CP), Balneário Pinhal, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°49' S, 50°28' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1724; MZUSP 60482 (2, 152,9–169,0 mm CP), Rocha, Uruguai, 34°04' S, 53°29' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1925, MZUSP 60483 (1, 166,8 mm CP), Punta Del Diablo, Uruguai, 34°04' S, 53°30' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1877; MZUSP 60484 (1, 215,2 mm CP), Maria de Lourdes, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°27' S, 52°15' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1754; MZUSP 60485 (1, 178,5 mm CP), Cassino, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°39' S, 51°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1659; MZUSP 60486 (3, 136,3–183,8 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°12' S, 50°34' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1676; MZUSP 60487 (1, 176,9 mm CP), La Pedrera, Uruguai, 34°34' S, 53°57' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1876, MZUSP 60488 (1, 162,8 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°51' S, 51°24' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1658; MZUSP 60586 (2, 159,1–160,7 mm CP), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°51' S, 49°36' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1714; MZUSP 60587 (2, 186,8–189,0 mm CP), Santos, São Paulo, Brasil, 24°40' S, 45°47' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1035; MZUSP 60588 (3, 54,0–149,2 mm CP), Curral Alto, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°57' S, 52°30' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1937; MZUSP 60589 (8, 32,0–188,8 mm CP), Santa Catarina, Brasil, 29°43' S, 43°55' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1852BT; MZUSP 60590 (1, 188,2 mm CP), Balneário Pinhal, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°54' S, 50°10' O; MZUSP 60592 (3, 118,0–170,8 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°46' S, 50°27' W, N. Oc. W. Besnard, Estação 1678; MZUSP 60593 (1, 180,0 mm CP), Mostardas, Rio Grande

do Sul, Brasil, 31°09' S, 50°42' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1725; MZUSP 60594 (1, 181,2 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°04' S, 51°54' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1661; MZUSP 60595 (1, 190,3 mm CP), Imbituba, Rio Grande do Sul, Brasil, 28°45' S, 47°47' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1702; MZUSP 60596 (1, 218,0 mm CP), Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°54' S, 51°04' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1906; MZUSP 60598 (1, 152,0 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°50' S, 51°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1934; MZUSP 60599 (1, 193,4 mm CP), 33°20' S, 52°48' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1745; MZUSP 60614 (2, 155,1–175,6 mm CP), Tavares, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°36' S, 50°37' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1731; MZUSP 60616 (2, 155,1–175,6 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°39' S, 52°21' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1650; MZUSP 60617 (1, 196,6 mm CP), Tavares, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°27' S, 51°04' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1732; MZUSP 60618 (2, 156,2–171,1 mm CP), Imbé, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°00' S, 49°18' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1713; MZUSP 60624 (1, 174,5 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°04' S, 51°54' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1661; MZUSP 60634 (1, 151,1 mm CP), Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°39' S, 50°39' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1671; MZUSP 60636 (2, 150,2–179,5 mm CP), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°57' S, 49,57 W, N. Oc. W. Besnard, Estação 1690; MZUSP 60638 (1, 147,4 mm CP), Solidão, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°52' S, 50°15' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1679; MZUSP 60639 (2, 149,1–152,9 mm CP), Balneário Gaivota, Santa Catarina, Brasil, 29°15' S, 49°13' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1698; MZUSP 60640 (1, 176,7 mm CP), Solidão, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°02' S, 49°54' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1680; MZUSP 60658 (5, 22,3–39,7 mm CP); MZUSP 61666 (1, 173,7 mm CP), Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°45' S, 51°26' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1733; MZUSP 60679 (1, 463,0 mm CP), Rio Grande do Sul, Brasil, 31°30' S, 51°20' O [coordenadas inferidas], N. Oc. W. Besnard, [Estação indisponível]; MZUSP 61667 (2, 92,0–187,9 mm CP), Chuí, Rio Grande do Sul, Brasil, 34°09' S, 52°29' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1739; MZUSP 61668 (2, 143,9–144,0 mm CP), Aguas Dulces, Uruguai, 34°34' S, 53°56' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1924; MZUSP 61670 (1, 159,5 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°13' S, 50°35' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1726; MZUSP 116286 (54,

40,7–79,8 mm CP), 25°03' S, 47°04' O, N. Oc. W. Besnard; MZUSP 116300 (9, 36,8–59,3 mm CP), Cananeia, São Paulo, Brasil, 25°01' S, 47°92' O; MZUSP 116309 (1, 51,8 mm CP), Cananeia, São Paulo, Brasil, 25°01' S, 47°92' O; MZUSP 117070 (1, 415 mm CP), Capão da Canoa, Rio Grande do Sul, Brasil, N. Oc. W. Besnard, [Estação indisponível]; MZUSP 118699 (6, 433,0–484,0 mm), Ilhabela, São Paulo, Brasil, 24°05' S, 45°10' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 118700 (10, 250,0–410,0 mm CP), Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil, 23°15' S, 43°05' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 118701 (23, 187,5–256,3 mm CP), Paranaguá, Paraná, Brasil, 25°60' S, 47°05' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 118702 (3, 184,0–220,0 mm CP), Ilha de Alcatrazes, São Paulo, Brasil, 24°10' S, 45°40' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 118703 (1, 293,5 mm CP), Ilha Comprida, São Paulo, Brasil, 24°55' S, 47°10' O [coordenadas inferidas]; MZUSP 118704 (2, 252,0 mm CP), Ilhabela, São Paulo, Brasil, 24°00' S, 45°15' O.

Urophycis chuss. (02 exemplares) MNRJ 31077 (1, 219,2 mm CP), EUA; UF 33142, (1, 199,5 mm CP), OAN, Maine, EUA, 43°54' N, 69°35' O.

Urophycis cirrata. (96 exemplares) USNM 39059 (1, 305,3 mm CP, holótipo), Golfo do México, Louisiana, EUA, 29°03' N, 88°16' O, Profundidade 593 m; USNM 39295 (1, 343,2 mm CP, parátipo), Golfo do México, Flórida, EUA, 28°42' N, 86°36' O, Profundidade 512 m; MNRJ 31091 (1, 395,0 mm CP), Espírito Santo, Brasil, 21°13' S 40°14' O, Profundidade 557 m, N, Thalassa, Estação 541; MNRJ 31093 (1, 405,0 mm CP) Espírito Santo, Brasil, 19°42' S, 39°21' O, Revizee N, Thalassa; MNRJ 48077 (1, 335,0 mm CP), Arraial do Cabo – Prainha, Rio de Janeiro, Brasil, 23°35' S, 41°15' O [coordenadas inferidas]; UF 38087 (1, 147,0 mm CP), Golfo do México, Mississippi, EUA, 29°33' N, 88°27' O; USNM 218168 (2, 215,0–315,0 mm CP), Mar do Caribe, Venezuela, 11°58' N, 65°02' O, Profundidade 421 m, N, Oregon, Estação 4406 (examinado através de fotografias); USNM 218171 (3, 260,0–305,0 mm CP), Trinidad e Tobago, 11°03' N, 60°46' O, Profundidade 439 m, N, Oregon, Estação 5028, Cruzeiro 94 (examinado através de fotografias); USNM 218173 (3, 180,0–330,0 mm CP), ao largo de Palomino, Colômbia, 11°25' N, 73°45' O, Profundidade 274 m, N, Oregon II, Estação 10289, Cruzeiro 4 (examinado através de fotografias), USNM 218175 (1, 295 mm CP), Ilhas Barlavento, Trinidad e Tobago, 11°31' N, 60°51' O, Profundidade 457 m, N, Oregon, Estação 5029 (examinado através de fotografias); INIDEP 64 (5, 210,0–

257,0 mm CP), Mar del Plata, Argentina, 39°00' S, 57°26' O (examinado através de fotografias); INIDEP 307 (1, 335,0 mm CP), Mar del Plata, Argentina, 36°30' S, 54°09' O (examinado através de fotografias); INIDEP 792 (1, 277,0 mm CP), Mar del Plata, Argentina, 36°16' S, 54°07' O (examinado através de fotografias); MNRJ 31079 (1, 262,5 mm CP), OAN, Golfo do México, Louisiana, EUA, 29°05' N, 88°24' O, N. Oregon, Estação 4033; MNRJ 1709A (1, 235,0 mm CP, lectótipo), MNRJ 1709 (3, mm CP, paralectótipos); MZUSP 13397 (2, 150,0–173,0 mm CP), OAS, Balneário Pinhal, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°32' S, 49°21' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 296N; MZUSP 40218 (2, 125,0–183,0 mm CP), OAS, Rocha, Uruguai, 34°04' S, 52°07' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 410; MZUSP 40219 (3, 77,0–202,0 mm CP), OAS, Capão da Canoa, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°49' S, 48°41' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1696; MZUSP 60665 (1, 151,2 mm CP), OAS, São Paulo, Brasil, 24°02' S, 44°43' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1160; MZUSP 60667 (1, 211,0 mm CP), OAS, Joinville, Santa Catarina, Brasil, 26°41' S, 47°00' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1176; MZUSP 60669 (3, 209,0–212,0 mm CP), OAS, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, 27°32' S, 48°05' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1052; MZUSP 60670 (1, 144,2 mm CP), OAS, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, 27°58' S, 47°57' O; MZUSP 60671 (1, 204,0 mm CP), OAS, Cabo Frio, Rio de Janeiro, Brasil, 23°14' S, 41°34' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1142; MZUSP 60672 (1, 217,0 mm CP); MZUSP 60673 (1, 183,0 mm CP), OAS, Itapoá, Santa Catarina, Brasil, 26°08' S, 47°13' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1043; MZUSP 60676 (3, 141,0–159,7 mm CP), Rocha, Uruguai, 35°18' S, 52°32' O; MZUSP 60683 (1, 26,3 mm CP), OAS, Itajaí, Santa Catarina, Brasil, 27°01' S, 48°06' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1182; MZUSP 60686 (2, 64,0–79,0 mm CP), OAS, Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°08' S, 50°55' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1898BT; MZUSP 60909 (1, 128,0 mm CP), OAS, Torres, Santa Catarina, Brasil, 29°48' S, 48°22' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1695BT; MZUSP 60910 (2, 140,0–144,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°19' S, 50°22' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1675; MZUSP 60911 (1, 107,0 mm CP), OAS, Tramandaí, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°58' S, 49°18' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1690; MZUSP 60912 (1, 144,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°19' S, 50°22' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1727BT; MZUSP 60913 (1, 144,0 mm CP), OAS, 27°90' S, 47°41' O,

N. Oc. W. Besnard, Estação 1183, Profundidade 115 m; MZUSP 60914 (1, 211,0 mm CP), OAS, Laguna, Santa Catarina, Brasil, 28°54' S, 48°16' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1701, Profundidade 117 m; MZUSP 60915 (4, 165,0–220,0 mm CP), OAS, Cananeia, São Paulo, Brasil, 25°48' S, 46°31' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1041, Profundidade 133 m; MZUSP 60916 (1, 190,0 mm CP), OAS, Bacupari, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°30' S, 45°55' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 4680, Profundidade 130 m; MZUSP 60917 (1, 141,0 mm CP), OAS, La Paloma, Rocha, Uruguai, 35°13' S, 52°33' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1872, Profundidade 170 m; MZUSP 60918 (5, 94,0–140,0 mm CP), OAS, Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°10' S, 50°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1657, Profundidade 100 m; MZUSP 60919 (2, 132,0–174,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°51' S, 50°20' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1672, Profundidade 116 m; MZUSP 60920 (2, 200,0–206,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°30' S, 49°55' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1680, Profundidade 130 m; MZUSP 60921 (2, 214,0–225,0 mm CP), OAS, Bacupari, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°24' S, 50°12' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1684, Profundidade 127 m; MZUSP 60922 (1, 152,3 mm CP), Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 33°08' S, 50°45' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1182, Profundidade 100 m; MZUSP 60923 (2, 88,0–137,0 mm CP), OAS, Torres, Santa Catarina, Brasil, 29°37' S, 48°41' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1845, Profundidade 135 m; MZUSP 60924 (1, 197,0 mm CP), OAS, Balneário Barra do Sul, Santa Catarina, Brasil, 26°30' S, 47°24' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1177, Profundidade 107 m; MZUSP 60925 (1, 155,6 mm CP), Rocha, Uruguai, 32°51' S, 51°26' O; MZUSP 60926 (2, 132,7–146,3 mm CP) MZUSP 60927 (2, 120,0–154,0 mm CP), OAS, Rio Grande, Rio Grande do Sul, 33°28' S, 51°27' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1654, Profundidade 91 m; MZUSP 60928 (2, 154,0–192,0 mm CP), OAS, Quintão, Rio Grande do Sul, Brasil, 30°37' S, 49°25' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1855, Profundidade 150 m; MZUSP 60929 (1, 239,0 mm CP), Maldonado, Uruguai, 35°51' S, 53°06' O; MZUSP 60936 (1, 166,0 mm CP), Rocha, Uruguai, 35°10' S, 52°46' O; MZUSP 60930 (14, 134,0–235,0 mm CP), OAS, Rio Grande, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°46' S, 50°25' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1664, Profundidade 200 m; MZUSP 60931 (2, 42,0–92,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°21' S, 50°13' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1908BT;

MZUSP 60932 (2, 67,0–83,0 mm CP), OAS, Bacupari, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°03' S, 49°46' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1859BT; MZUSP 60933 (1, 65,0 mm CP), OAS, Bacupari, Rio Grande do Sul, Brasil, 31°14' S, 49°35' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1721; MZUSP 60934 (2, 110,0–137,0 mm CP), OAS, Arroio do Sal, Rio Grande do Sul, Brasil, 29°52' S, 48°20' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1708BT; MZUSP 60935 (1, 162,7 mm CP), Peruíbe, São Paulo, Brasil, 25°38' S, 45°18' O; MZUSP 60937 (1, 127,58 mm CP), Mostardas, Rio Grande do Sul, 31°40' S, 50°40' O; MZUSP 60938 (1, 157,9 mm CP), OAS, Cabo Polonio, Rocha, Uruguai, 34°45' S, 52°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1881, Profundidade 179 m; MZUSP 60939 (1, 179,0 mm CP), OAS, Punta Del Diablo, Rocha, Uruguai, 34°27' S, 51°50' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1883, Profundidade 175 m; MZUSP 60940 (1, 215,0 mm CP), OAS, Ilhabela, São Paulo, Brasil, 24°20' S, 44°20' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1022, Profundidade 138 m; MZUSP 60941 (1, 201,0 mm CP), OAS, Punta del Leste, Rocha, Uruguai, 35°50' S, 53°60' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1919, Profundidade 156 m; MZUSP 60942 (2, 139,0–142,0 mm CP), OAS, Bojuru, Rio Grande do Sul, Brasil, 32°13' S, 50°35' O, N. Oc. W. Besnard, Estação 1667, Profundidade 84 m; MZUSP 60943 (2, 176,0–206,0 mm CP), Ilha Grande, Rio de Janeiro, Brasil, 23°43' S, 43°55' O.

Urophycis earlii. (03 exemplares) UF 25216, (1, 148,0 mm CP), OAN, Carolina do Norte, EUA, 34°17' N, 76°40' W; UF 71556, (2, 242,2–255,1 mm CP), OAN, Flórida, EUA, 29°36' S, 86°21' O, Profundidade 183 m.

Urophycis floridana. (03 exemplares) UF 38101 (1, 156,0 mm CP), Golfo do México, Mississippi, EUA, 29°41' N, 88°34' O; UF 152920 (2, 171,4–208,7 mm CP), OAN, Alabama, EUA, 29°51' S, 87°36' O, Profundidade 92 m.

Urophycis regia. (3 exemplares). UF 184983 (2, 157,6–176,7 mm CP), OAN, Alabama, EUA, 29°20' N, 87°43'W, Profundidade 116 m; UF 26776 (1, 169,2 mm CP), OAN, Golfo do México, Flórida, EUA, 28°58' N, 85°23'W.

Urophycis tenuis. (1 exemplar) MNRJ 31080 (1, 53,1 mm CP), OAN, Golfo do México, EUA.

Apêndice 2. Relação de sequências do Genbank e BOLD utilizadas no Capítulo 2.

Espécie	Localidade	Número de Acesso
<i>Urophycis chuss</i>	Delaware, EUA	HQ025024.1
<i>Urophycis chuss</i>	Delaware, EUA	HQ025021.1
<i>Urophycis chuss</i>	Delaware, EUA	HQ025023.1
<i>Urophycis chuss</i>	Delaware, EUA	HQ025022.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016017.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016018.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016019.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016020.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016021.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016022.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016023.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KF930524.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016025.1
<i>Urophycis chuss</i>	Nova Scotia, Canadá	KC016026.1
<i>Urophycis tenuis</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC016030.1
<i>Urophycis tenuis</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC016031.1
<i>Urophycis tenuis</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC016032.1
<i>Urophycis tenuis</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC016033.1
<i>Urophycis tenuis</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC016034.1
<i>Urophycis tenuis</i>	Carolina do Norte, EUA	KF930527.1
<i>Urophycis tenuis</i>	Carolina do Norte, EUA	KF930528.1
<i>Urophycis brasiliensis</i>	São Paulo, Brasil	JQ365616.1
<i>Urophycis brasiliensis</i>	São Paulo, Brasil	JQ365617.1
<i>Urophycis brasiliensis</i>	São Paulo, Brasil	JQ365618.1
<i>Urophycis brasiliensis</i>	São Paulo, Brasil	JQ365619.1
<i>Urophycis brasiliensis</i>	São Paulo, Brasil	GU702419.1
<i>Urophycis floridana</i>	Brownsville, Texas, EUA	KF930525.1
<i>Urophycis floridana</i>	Brownsville, Texas, EUA	KF930526.1
<i>Urophycis floridana</i>	Alabama, EUA	KF461247.1
<i>Urophycis regia</i>	Golfo do Maine, EUA	KC016027.1
<i>Urophycis regia</i>	Golfo do Maine, EUA	KC016028.1
<i>Urophycis regia</i>	Golfo do Maine, EUA	KC016029.1
<i>Urophycis cirrata</i>	Argentina	EU074621.1
<i>Urophycis cirrata</i>	Golfo do México	AAJ8343*
<i>Phycis phycis</i>	Portugal	KJ768278.1
<i>Phycis phycis</i>	Portugal	KJ768279.1
<i>Phycis chesteri</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC015800.1
<i>Phycis chesteri</i>	St Lawrence Gulf, Canadá	KC015801.1
<i>Phycis blennoides</i>	Portugal	JQ774545.1
<i>Phycis blennoides</i>	Portugal	JQ774546.1
<i>Merluccius hubbsi</i>	França	KP975780.1
<i>Merluccius hubbsi</i>	França	KP975782.1

*Sequência BOLD.