

# **APLICAÇÃO DE DNA BARCODING NO LEVANTAMENTO DE ESPÉCIES DE INSETOS**

**Artur Jordão de Magalhães Rosa**

**Kathia Cristhina Sonoda**

**22/Jul/2010**

Diversos esforços têm sido empreendidos no levantamento da riqueza dos insetos, entretanto, ainda há muito a ser descrito. Os insetos possuem grande importância ecológica, pois participam em elevado número de indivíduos, assim como de espécies nos diversos ecossistemas, participando da cadeia alimentar de grande parte das espécies de plantas e animais.

Devido a essa dominância nos diversos ambientes, a presença de espécies sensíveis às alterações ambientais, assim como de espécies altamente resistentes à poluição, faz com que o grupo seja utilizado como bioindicadores de contaminação ou degradação ambiental. Soma-se a isso, o fato de que, se por um lado várias espécies constituem pragas de diversas lavouras, por outro lado, insetos podem exercer controle biológico sobre outros insetos ou pragas, além de atuarem na polinização de plantas com inegável impacto na agropecuária.

A análise em nível de espécie é indispensável para o avanço em áreas de estudos da biodiversidade como avaliação de estrutura populacional, estimadores de riqueza de espécies, padrões globais e regionais de biodiversidade, ecologia e mudanças climáticas globais, entre outros, visando à identificação de bioindicadores ou espécies para controle biológico de pragas.

Entretanto, a identificação taxonômica requer preparo, conhecimento especializado, além de ser muito laboriosa, não estando disponível para trabalhos de rotina. Conseqüentemente, a identificação taxonômica de amostras complexas só pode ser conduzida por especialistas e geralmente não são efetuadas ao nível de espécie e sim de gênero, família ou até mesmo ordem, pelo menos para os grupos difíceis. Por outro lado, a maioria das espécies do planeta ainda não possui descrição formal. Esses fatores geram inferências tendenciosas em estudos de biodiversidade, uma vez que a resolução taxonômica é crucial para esse tipo de estudo.

A ideia de um sistema de identificação molecular, com base em variação na sequência de DNA, surgiu na década de 1990 com o desenvolvimento de abordagens com base em PCR (*polimerase chain reaction*) para a identificação de espécies. A identificação molecular foi amplamente empregada em estudos de bacteriologia, levantamentos de biodiversidade microbiana e diagnóstico de linhagens patogênicas devido a necessidade de métodos de identificação independentes de cultivo. Métodos baseados em PCR também foram amplamente utilizados em taxonomia e medicina forense e na identificação de patógenos e vetores.

A taxonomia por DNA tem por objetivo a identificação de unidades taxonômicas operacionais moleculares (MOTU) obtidas por comparação das seqüências de DNA. Dessa forma, a taxonomia molecular fornece ferramentas para suplementar os métodos taxonômicos tradicionais, baseados em avaliação morfológica ou citogenética, permitindo superar algumas de suas limitações, e tem se mostrado muito interessante quando a identificação morfológica é difícil ou impossível, sendo, inclusive, aplicável em qualquer estágio de desenvolvimento dos organismos, além de permitir a análise mais rapidamente de um número muito maior de amostras, fornecendo a base para inferências ecológicas.

O método de taxonomia molecular conhecido por código de barra de DNA (*DNA barcoding*) emprega variação de seqüência de DNA do gene COI (citocromo oxidase C subunidade I), como um identificador único para cada espécie. Esse gene tem se demonstrado informativo, corretamente classificando organismos nos mais diversos táxons, incluindo insetos.

O *DNA barcoding*, sistema de identificação que emprega avaliação de aproximadamente 650pb (pares de base), devido a variações nucleotídicas intra e interespecíficas verificadas neste gene, permite corretamente classificar os organismos em suas respectivas espécies na grande maioria dos casos. O método DNA barcoding fornece soluções confiáveis, de baixo custo, resolvendo a problemática de identificar corretamente as espécies, favorecendo o nosso entendimento da evolução e diversificação da vida.

O código de barra de DNA ganhou grande projeção internacional tornando-se o meio universal para identificação e catalogação de organismos. Dessa forma, novas espécies foram identificadas, indivíduos reclassificados em espécies pré-existentes, espécies crípticas separadas e agrupamentos de indivíduos dentro de espécie foram detectados, demonstrando a exequibilidade e aplicabilidade dessa abordagem na ampliação do conhecimento da biodiversidade e suas relações ecológicas.

---

Artur Jordão de Magalhães Rosa (Pesquisador - [artur.rosa@cpac.embrapa.br](mailto:artur.rosa@cpac.embrapa.br)), Kathia Cristhina Sonoda (Pesquisador) trabalha(m) na Embrapa CERRADOS.