



INFERÊNCIA EVOLUTIVA PARA OS GÊNEROS *CRYPTONANUS* E *GRACILINANUS* (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE): UMA ABORDAGEM *IN SILICO* A PARTIR DOS GENES *CYTB* E *IRBP*

CLEBIANO COSTA-SÁ^{1,2}; ALAN DOS SANTOS^{1,2}; PATRÍCIA AVELLO NICOLA-PEREIRA²; MICHELLY CORREIA DINIZ²

¹ Graduação em Ciências Biológicas da Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), Campus Ciências Agrárias, Petrolina – PE (clebianoccs@hotmail.com)

² Centro de Conservação e Manejo de Fauna – Bioma Caatinga (CEMAFAUNA), Laboratório de Bioinformática, UNIVASF - Campus Ciências Agrárias.

O Brasil possui uma mastofauna composta de 652 espécies, tornando o país de maior número de espécies de mamíferos no mundo. Os gêneros *Cryptonanus* Voss, 2005 e *Gracilinanus* Gardner & Creighton, 1989 são pequenos mamíferos (marsupiais) pertencentes à família Didelphidae. Esses organismos apresentam grande importância ecológica por atuarem em diversas cadeias alimentares, e como dispersores secundários de sementes. Esses gêneros apresentam grande semelhança morfológica e cariotípica, sendo que cinco espécies atualmente pertencentes à *Cryptonanus* (*C. agricolai*, *C. chacoensis*, *C. guahybae*, *C. ignitus* e *C. unduaviensis*) eram anteriormente inseridas no gênero *Gracilinanus*. *CYTB* é um gene mitocondrial responsável pela expressão da proteína citocromo b, e *IRBP* um gene nuclear conservado em mamíferos responsável pela expressão de glicoproteínas, ambos frequentemente utilizados em análises filogenéticas. Este trabalho teve por objetivo realizar inferências evolutivas comparando diferentes modelos filogenéticos a partir dos genes *CYTB* e *IRBP*. A partir da busca *in silico* de sequências dos referidos genes disponíveis em bancos no NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) foram usadas 33 sequências de *CYTB*, e 9 sequências de *IRBP*. As sequências de cada gene foram alinhadas através da ferramenta *Clustal W*, disponível no *software* MEGA 5.0. As inferências topológicas foram realizadas também pelo MEGA 5.0. As topologias foram obtidas pelo método de agrupamento de vizinhos (AV) e método da Máxima Verossimilhança (MV). A significância dos agrupamentos foi estimada pela análise de *bootstrap*. O modelo considerado mais adequado pelo método MV para *CYTB* foi o de *Hasegawa-Kishino-Yano* (HKY + G) que leva em consideração as substituições nucleotídicas, e para *IRBP*, o *Tamura 3-parameter* (T92) que considera a divergência total, tal como as transições, transições e a composição guanina/citosina. Para o gene *CYTB*, o tamanho médio relativo às sequências foi de 798,8 pares de bases (pb), a composição nucleotídica foi de 28,77 % timina, 29,07% citosina, 28,59% adenina e 13,57% guanina. Na árvore resultante do método AV, foram gerados três grandes grupos em que dois foram sustentados fortemente (*G. agilis* e *Cryptonanus spp*), e um fracamente suportado contendo as espécies *G. microtarsus*, *G. aceramarcae*, *G. emiliae*, sendo essas duas últimas sustentadas fracamente formando um subgrupo. Enquanto que no método MV houve a formação de cinco grupos, e *G. aceramarcae*, *G. emiliae* que foram sustentados fracamente em grupos distintos. No entanto, nas duas árvores houve a formação de um grupo de espécies de *Cryptonanus*, sustentado com *bootstrap* significativo em ambas as árvores. Para o gene *IRBP*, o tamanho médio relativo às sequências foi de 1115,2 pb, a composição nucleotídica foi de 20,2% timina, 27,88% citosina, 23,22% adenina e 28,7% guanina. Na árvore do método AV a espécie *G. aceramarcae* foi sustentada fracamente no grupo *G. agilis*, enquanto, no método MV foi sustentada fora desse grupo com *bootstrap* significativo. Os resultados mostraram diferenças entre a organização dos grupos, sendo necessárias outras análises com maior número de sequências para inferir a melhor e mais elucidativa topologia. Estudos desta natureza são importantes para um maior conhecimento dos modelos de inferências filogenéticas para os gêneros *Cryptonanus* e *Gracilinanus* que se apresentam amplamente distribuídos na Caatinga.

Palavras - chave: Evolução, *Cryptonanus*, *Gracilinanus*
SUPORTE: CEMAFAUNA