



FILOGENIA MOLECULAR DOS GÊNEROS *Cryptonanus* E *Gracilinanus* (DIDELPHIMORPHIA: DIDELPHIDAE) A PARTIR DE SEQUENCIAS DOS GENES *RAG1*, *vWF* E *DMP1*.

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

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

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

O gênero *Gracilinanus* Gardner e Creighton 1989, quando originalmente descrito compreendia 17 taxa específicos. Entretanto foram identificados novos caracteres morfológicos em um grupo de *Gracilinanus*, e esses aliados a análises cariotípicas e moleculares contribuíram para a descrição de um novo gênero, o *Cryptonanus* Voss, 2005. Atualmente os taxa *Gracilinanus* e *Cryptonanus*, pertencentes a ordem Didelphimorphia e família Didelphidae são compostos por 6 e 5 espécies respectivamente. Ambos os gêneros possuem representantes na biota caatinga que atuam como indicadores de qualidade ambiental, dispersão de sementes e participam da cadeia alimentar de mamíferos maiores. Ainda são poucas as referências a esses pequenos mamíferos, assim este trabalho visa inferir uma filogenia molecular entre os dois gêneros a partir de sequências dos genes *vWF* – *Von Willebrand Factor*, responsável por codificar uma glicoproteína que atua como um fator anti-hemofílico; *DMP1* – *Dentin Matrix Protein* que codifica uma proteína que é fundamental para a mineralização adequada de ossos e dentes e *RAG1* – *Recombination Activating 1* que é envolvida com ativação da imunoglobulina, sendo que sua inativação pode acarretar diversas doenças; As relações filogenéticas foram inferidas utilizando seis sequências para *Cryptonanus* e treze sequências para *Gracilinanus* disponíveis no banco NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Todas as análises como alinhamento de sequências, via Clustal W, distâncias, percentual de bases nucleotídicas e construção de dendrogramas foram realizadas através do software MEGA 5. O método *bootstrap*, 100 repetições, foi empregado para suporte das associações entre os ramos. Os agrupamentos foram resultantes do emprego dos métodos *Neighbor-Joining (NJ)* e *Maximum Likelihood (ML)*. Os modelos de associação, a serem utilizados pela ML, para os respectivos genes foram: para o gene *DMP1*, *Hasegawa-Kishino-Yano*, que considera a razão transição/transversão e a soma das bases pirimidinas ou purinas; para o gene *RAG1*, Tamura 3-parâmetros que emprega a taxa de transição entre purina, entre pirimidina e a taxa de transversão; e para *vWF*, Kimura 2-parâmetros que considera as taxas de transição e transversão. As sequências para o *DMP1* apresentaram uma média de 1167 bp, com 18,7% Timina (T), 16,4% Citosina (C), 38,3% Adenina (A) e 26,6% Guanina (G). Já as do *RAG1* tiveram uma média de 2716 pb, com 19,5% T, 28% C, 25% A e 27,5% G. *vWF* teve uma média de 944,8 pb, sendo composto por 23,7% T, 25,2% C, 25% A e 26,1% G. Para o método NJ, a árvore gerada estabeleceu agrupamentos bem apoiados pelo *bootstrap* para os genes *RAG1* e *vWF*, entretanto houve diferenças nas topologias de *Gracilinanus* no gene *DMP1* em relação aos outros dois genes. A árvore resultante do método ML apresentou as mesmas topologias que NJ, inclusive no que se refere às diferenças no gene *DMP1*. Os resultados advindos deste trabalho podem auxiliar nos estudos desses gêneros sendo mais uma fonte de informação sobre as relações entre esses gêneros. Análises de outros genes e proteínas são necessárias para inferências mais robustas.

Palavras-chave: *Gracilinanus*, *Cryptonanus*, filogenia molecular.

SUPORTE: CEMFAUNA