



Filogenia molecular dos camarões palaemonídeos (Decapoda, Palaemonidae) da Amazônia brasileira a partir de sequências rDNA 16S e 28S

Ariane Nicaretta Amorim e Gabriel Iketani

Foi realizado um estudo filogenético dos três principais gêneros (*Macrobrachium*, *Palaemon* e *Pseudopalaemon*) da subfamília Palaemoninae, explorando a região do genoma que compreende os marcadores moleculares rDNA 28S e rDNA 16S, com o objetivo de testar o comportamento monofilético dos gêneros e confirmar a identificação das amostras depositadas nos principais museus da região norte. Essa abordagem compreendeu a maioria das espécies de palaemonídeos que distribuem-se na região amazônica, incluindo indivíduos fruto de coletas recente. Inicialmente, foi extraído DNA de amostras de museu e de amostras recentes, posteriormente realizadas as reações de PCRs, com a combinação dos *primers* 28SA/28SB e 16SL2/16S1342, o sequenciamento foi realizado no sequenciador automático ABI 3500. As sequências obtidas foram alinhadas e otimizadas no programa *CodonCode Aligner*, posteriormente, foram adicionadas aos bancos gerados sequências obtidas no repositório on-line do NCBI (*Genbank*). As regiões hipervariáveis e gaps foram excluídas com o *GBLOCKS*, ambas as árvores filogenéticas foram construídas na ‘*Cyberinfrastructure*’ for *Phylogenetic Research* (CIPRES) considerando os marcadores isoladamente, foram aplicados os métodos de Máxima Verossimilhança (ML), implementada no programa *PhyML*, e *Bayesiano*, no programa *MrBayes*, os modelos evolutivos mais adequados foram determinados através do programa *KAKUSAN*. Na análise de ML a significância dos agrupamentos foi estimada através da análise de *bootstrap*, a partir de 1000 pseudoréplicas, na inferência *Bayesiana*, *Metropolis-coupled* MCMC foram conduzidas com quatro cadeias, cada uma com 10 milhões de gerações, amostradas a cada 1000 gerações e com *burn-in* de 25%. A topologia das árvores foram visualizadas e editadas no programa *FigTree*. De acordo com as inferências filogenéticas, foi sustentado o monofilismo dos gêneros analisados, as árvores geradas para o gene 16S mostraram-se concisas com o descrito na literatura, com agrupamentos bem definidos e com clados com elevado suporte estatístico, observou-se uma clara divisão em dois grupos para as espécies dos gêneros *Macrobrachium* e *Palaemon*, onde um grupo foi formado por espécies que habitam ambientes de águas continentais e o outro, águas costeiras. Em relação ao gene 28S, observamos uma menor qualidade de dados e de suporte estatístico em ambas as topologias, mesmo assim, foi possível observar as relações filogenéticas entre os gêneros e agrupamentos semelhantes ao descrito na literatura. Para ambos os genes as espécies *M. brasiliense* vs. *M. nattereri* e *M. inpa* vs. *M. ferrerai* mostraram-se intimamente relacionadas, além disso, foram identificadas quatro amostras sem ID, e foi possível sugerir a correção na identificação de cinco amostras de museu.