

052

FILOGENIA DO GRUPO CRÍPTICO DA DROSOPHILA WILLISTONI REVELADA COM A SEQÜÊNCIA DO GENE MITOCONDRIAL COI. *Tiago Hoerbe Degrandi, André Schnorr, Karen L. Haag, Vera Lucia da Silva Valente Gaiesky (orient.)* (Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

O grupo críptico da *Drosophila willistoni* compreende cinco espécies neotropicais (*D. willistoni*, *D. equinoxialis*, *D. tropicalis*, *D. insularis* e *D. pavlovskiana*) e a super-espécie *D. paulistorum*, com 6 semi-espécies. Diferentes trabalhos realizados na década de 70, baseados em diferentes marcadores, proporam diferentes relacionamentos evolutivos entre estas espécies. Neles, *D. paulistorum* e *D. equinoxialis* sempre aparecem como espécies irmãs, porém o relacionamento entre as demais espécies se mantém confuso. Recentemente foi realizada uma nova filogenia, utilizando seqüências de parte de dois genes nucleares (*Adh*, e *per*) e um mitocondrial (COI). A análise com o marcador COI apresentou resultados incompatíveis com os outros dois, porém, apenas 495pb (~32%) do gene foram sequenciados e poucos sítios informativos para parcimônia estavam disponíveis. No intuito de elucidar a filogenia do grupo e avaliar o potencial taxonômico de um marcador molecular foram sequenciados 92% do COI de 49 moscas do grupo críptico da *D. willistoni*. O DNA foi extraído com acetato de amônio e proteínase K e a amplificação do COI foi realizada através de PCR com iniciadores que anelam em tRNAs adjacentes ao gene. As amostras foram sequenciadas automaticamente e as seqüências foram editadas manualmente, alinhadas no ClustalX, e as filogenias realizadas no programa MEGA 2.1. As topologias encontradas utilizando diferentes algoritmos (ME, NJ e MP) foram muito semelhantes. A monofilia das espécies foi suportada por valores altos de bootstrap (entre 97 e 100%). Nas nossas análises *D. equinoxialis* agrupou com *D. tropicalis* e não com *D. paulistorum* e *D. willistoni* se mostrou mais relacionada com *D. insularis*. Este marcador foi eficiente na separação das espécies, o que é evidenciado pelos altos valores de bootstrap. Desta forma, pretende-se desenvolver uma metodologia baseada nas diferenças nucleotídicas deste marcador com o intuito de identificar as espécies crípticas. (UFRGS/IC voluntária).