

PSEUDOGENES NA ESPÉCIE *Macrobrachium jelskii* (DECAPODA: PALAEMONIDAE) E SUAS IMPLICAÇÕES NA SUPERESTIMAÇÃO DA BIODIVERSIDADE

BARBOSA, Leticia Oliveira¹; DE SOUZA, Somira Santana²; DE FRANCISCO, Ana Karina³; CERVINI, Marcelo⁴

RESUMO

Introdução: Os camarões da espécie *Macrobrachium jelskii* são amplamente distribuídos no Brasil, sendo importante tanto para a manutenção da cadeia trófica quanto para o consumo humano. A identificação dessa espécie baseada na morfologia é dificultada pela sua semelhança morfológica com espécies sintópicas do gênero, principalmente no estágio juvenil. A taxonomia associada a dados de sequências de DNA tem sido frequentemente utilizada, principalmente com os marcadores moleculares, como o gene mitocondrial Citocromo C oxidase subunidade I (COI), porém a variabilidade genética dentro das espécies utilizando essa metodologia pode ser superestimada devido a possibilidade de amplificação de pseudogenes. **Objetivo:** Analisar a possibilidade de pseudogenes na espécie *M. jelskii* do Estado da Bahia, e suas implicações em estudos que visam inventariar a biodiversidade por meio do gene mitocondrial COI. **Material e métodos:** Realizamos a identificação morfológica, extração do DNA genômico, amplificação com os iniciadores COIa e COIf e sequenciamento. Calculamos as distâncias intra e interespecífica, fizemos uma árvore de *Neighbor-Joining* (NJ), máxima verossimilhança (ML) e inferência Bayesiana (BI) e para verificar os polimorfismos a análise da estatística sumária (diversidade haplotípica e diversidade nucleotídica) e saturação de substituições (transições e transversões). **Resultados:** Analisamos 13 sequências e os pseudogenes foram caracterizados através da presença de picos duplos nos eletroferogramas do sequenciamento, códons de parada na tradução e 12 haplótipos com 42 sítios variáveis (polimórficos) e 43 mutações. As sequências de pseudogene tiveram divergência intraespecífica de 2.6% e, quando comparadas com sequências dos bancos de dados, a divergência interespecífica foi de 140.9% em relação as sequências de *M. jelskii* obtidas do BOLD e 135.1% em relação as sequências de *M. rosenbergii* do GenBank. As árvores de NJ, ML e BI, apresentaram a mesma topologia, e o pseudogene de *M. jelskii* formou um clado independente nos dois bancos de dados com alto suporte (NJ - 95% e 100% de *bootstrap*). **Conclusão:** Os pseudogenes podem acarretar em superestimação da biodiversidade, sendo importante a utilização de genes nucleares e de outras ferramentas integrativas, como morfológicas e ecológicas, para reduzir a superestimação de espécies. Esses resultados podem ajudar em futuros estudos taxonômicos e filogenéticos usando genes mitocondriais em *M. jelskii*.

Palavras-chave: COI; divergência; pseudogene

¹ Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia. E-mail let94sp@gmail.com

² Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia. E-mail. solsouzabio@gmail.com

³ Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia. E-mail. karinabrotas@yahoo.com.br

⁴ Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia. E-mail. marcelo_cervini@yahoo.com.br