



GENÉTICA E EVOLUÇÃO DE CRUSTÁCEOS: DIVERSIDADE DO GENE H3 EM AEGLA

DIOGO ALVES DA SILVEIRA; MARLISE LADVOCAT BARTHOLOMEI-SANTOS; GISLAINE PULI

INTRODUÇÃO: Devido à alta diversificação morfológica e ecológica dos crustáceos, seus diferentes grupos são atraentes para pesquisadores. Muitas espécies estão sendo ameaçadas de extinção devido à degradação de seus ecossistemas. Estudos populacionais, filogeográficos e evolutivos são importantes para que sua preservação e manejo sejam realizados corretamente. A família Aeglidae Dana, 1852 (Decapoda: Anomura) engloba 93 espécies conhecidas do gênero *Aegla* Leach, 1820, que vivem em águas continentais da América do Sul meridional, e duas espécies fósseis marinhas. Cerca de 70% das espécies atuais estão ameaçadas de extinção, sendo que este número pode aumentar dada a grande quantidade de espécies crípticas, de distribuição restrita, reveladas recentemente. Métodos filogeográficos, os quais utilizam marcadores mitocondriais e nucleares, são importantes na descoberta de espécies crípticas, mas em eglídeos apenas dois genes nucleares têm sido empregados com sucesso variável. O gene nuclear codificador da histona H3 é um potencial candidato para uso em estudos filogeográficos em eglídeos, tendo sido utilizado com sucesso em alguns crustáceos. **OBJETIVO:** O objetivo do estudo foi comparar a sequência do gene H3 entre populações de espécies do gênero *Aegla*, e em segundo momento em Famílias próximas de anomuros, para investigar o potencial deste gene em estudos filogeográficos. **METODOLOGIA:** Foram utilizadas amostras de brânquia de diferentes espécies da família Aeglidea, pertencentes à Coleção de Crustáceos do Laboratório de Carcinologia, UFSM e Sequências do Genebank para as demais Famílias. O gene H3 foi amplificado por PCR e sequenciado. As sequências obtidas foram alinhadas no programa MAFFT e valores de distância genética foram calculados no MEGA. Uma árvore filogenética foi construída no BEAST package, após a seleção de modelo evolutivo realizado no jModelTest e visualizada usando o FigTree. **RESULTADOS:** Os resultados indicam que o gene H3 possui uma variação interespecífica em aeglídeos de 0.000 a 0.014. Enquanto entre Aeglidae e famílias próximas, a variação é de 0.000 a 0.198. **CONCLUSÃO:** O gene H3 não é útil para análises filogeográficas na família Aeglidae, devido à alta conservação do gene. No entanto, o gene H3 se mostrou útil para estudos filogeográficos interfamiliares.

Palavras-chave: *Aegla*, Anomuros, Histona 3, Diversidade, Filogeográfico.