



Evento: XXXIV Seminário de Iniciação Científica ▾

ESTUDO DA RELAÇÃO FILOGENÉTICA DE ESPÉCIES DE *SQUALUS* UTILIZANDO O GENE COI E *CARCHARODON CARCHARIAS* COMO GRUPO EXTERNO¹

Henrique Bogler²; Augusta Catherine Rui Mastella³; Rafael Schneider Costa⁴; Giuliam Kátia Strücker⁵; Juliana Maria Fachinetto⁶

¹ Trabalho realizado durante a disciplina Genética Geral e Evolução do curso de graduação em Ciências Biológicas da Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul (UNIJUI);

³ Acadêmico do Curso de graduação em Ciências Biológicas e bolsista do Programa de Educação Tutorial (PET) da UNIJUI E-mail: henrique.bogler@sou.unijui.edu.br;

² Acadêmica do Curso de graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI E-mail: augusta.mastella@sou.unijui.edu.br;

⁴ Mestrando do Programa de Pós Graduação em Sistemas Ambientais e Sustentabilidade (PPGSAS - UNIJUI/UPF), bolsista PROSUC/CAPES - rafael.costa@sou.unijui.edu.br;

⁵ Professora e tutora do Programa de Educação Tutorial (PET) do curso de Graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI. E-mail: giuliam.strucker@unijui.edu.br;

⁶ Professora da Disciplina de Genética Geral e Evolução do curso de Graduação em Ciências Biológicas da UNIJUI, docente do Programa de Pós Graduação em Sistemas Ambientais e Sustentabilidade (PPGSAS - UNIJUI/UPF) - juliana.fachinetto@unijui.edu.br;

INTRODUÇÃO

O estudo da história evolutiva dos elasmobrânquios é fundamental para a compreensão da biodiversidade marinha. Contudo, a classificação taxonômica do gênero *Squalus* (LINNAEUS 1758) tem se mostrado historicamente complexa, uma vez que espécies como *Squalus megalops* (MACLEY, 1881), *Squalus blainville* (RISSO, 1827), *Squalus brevirostris* (TANAKA, 1917), *Squalus albifrons* (LAST, WHITE & STEVENS, 2007) e *Squalus griffini* (PHILIPPS, 1931) apresentam características morfológicas altamente conservadas. Essa sobreposição fenotípica gera dificuldades significativas na delimitação precisa de suas linhagens por meio de métodos anatômicos tradicionais (VIANA et al., 2016). Essa semelhança morfológica pode decorrer tanto da retenção de caracteres plesiomórficos quanto de processos de convergência evolutiva, onde pressões seletivas análogas em ambientes marinhos moldam estruturas homoplásicas similares em clados distintos, mascarando a real história evolutiva do grupo.

Para contornar essa limitação, ferramentas moleculares tornaram-se indispensáveis, pois possibilitam a análise direta da divergência genética entre os táxons. Nesse contexto, o



presente estudo teve como objetivo realizar a construção de uma árvore filogenética a partir do gene mitocondrial Citocromo c Oxidase I (COI) para investigar o parentesco evolutivo entre essas cinco espécies de *Squalus*, utilizando *Carcharodon carcharias* como grupo externo.

METODOLOGIA

Para a realização deste estudo, foram utilizadas sequências genéticas de seis táxons de tubarões obtidas em bancos de dados públicos. O grupo interno de análise foi composto por cinco espécies do gênero *Squalus*: *S. megalops*, *S. blainville*, *S. brevirostris*, *S. albifrons* e *S. griffini*, e *Carcharodon carcharias* (tubarão-branco) como grupo externo para viabilizar o enraizamento da árvore filogenética. O alinhamento das sequências e as análises moleculares subsequentes foram executados por meio do software de bioinformática MEGA 12.

A reconstrução filogenética foi realizada com base no critério de Máxima Parcimônia, com o objetivo de identificar a topologia que demandasse o menor número de passos mutacionais para explicar as relações evolutivas entre os táxons. Para a busca estrutural da árvore, utilizou-se o algoritmo heurístico TBR (*Tree-Bisection-Reconnection*), configurado com os parâmetros padrão do programa.

Por fim, foi aplicada uma análise de bootstrap com 1.000 réplicas pseudo-amostrais para avaliar a confiabilidade dos ramos e nós gerados na árvore de consenso. Adicionalmente, a qualidade da reconstrução filogenética e os níveis de homoplasia foram determinados por meio da obtenção do número de sítios variáveis (V) e parcimoniosamente informativos (Pi), bem como dos Índices de Consistência (CI), Retenção (RI) e Consistência Reescalado (RC).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise filogenética foi realizada a partir do alinhamento de seis sequências de nucleotídeos, apresentando um comprimento total de 637 sítios. A caracterização da matriz de dados revelou que a maior parte da sequência permaneceu conservada, totalizando 480 sítios conservados (C). Em contrapartida, foram identificados 157 sítios variáveis (V), dos quais 121 correspondem a sítios de mutação única (*singletons*, S) e 36 foram caracterizados



como sítios parcimoniosamente informativos (Pi), sendo estes os principais responsáveis pelo direcionamento topológico dos cladogramas.

A reconstrução filogenética por meio do método de Máxima Parcimônia resultou em 471 árvores possíveis, com uma topologia final apresentando comprimento total (*Tree Length*) de 179 passos mutacionais. Os índices de qualidade utilizados para avaliar o nível de homoplasia e a confiabilidade das inferências indicaram elevada consistência filogenética, com reduzido nível de homoplasia e baixa ocorrência de reversões evolutivas nos dados.

O Índice de Consistência (CI) obtido foi de 0,972, o Índice de Retenção (RI) foi de 0,886 e o Índice de Consistência Reescalado (RC) correspondeu a 0,862.

A árvore de consenso *bootstrap* foi obtida após 1.000 réplicas pseudo-amostrais, evidenciando elevado suporte estatístico para os nós que agrupam as espécies do gênero *Squalus* (*Squalus megalops*, *Squalus blainville*, *Squalus brevirostris*, *Squalus albifrons* e *Squalus griffini*), com valores de suporte de 99% (FIGURA 1).

O enraizamento utilizando a espécie *Carcharodon carcharias* como grupo externo (outgroup) demonstrou a divergência evolutiva basal entre a família Lamnidae e o clado parafilético composto pelos representantes da família Squalidae.

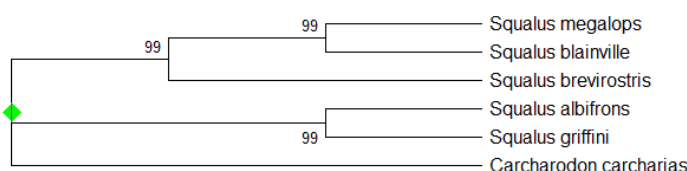


Figura 1. Árvore filogenética de consenso obtida por Máxima Parcimônia para espécies do gênero *Squalus*, com enraizamento utilizando *Carcharodon carcharias* como grupo externo. Valores nos ramos indicam o suporte de Bootstrap (1.000 réplicas).

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise realizada permitiu demonstrar a aplicação de ferramentas de genética molecular e bioinformática na investigação de relações filogenéticas de espécies do gênero *Squalus*. O alinhamento apresentou 157 sítios variáveis, incluindo 36 sítios



parcimoniosamente informativos, e a reconstrução por Máxima Parcimônia apresentou CI de 0,972, RI de 0,886 e RC de 0,862.

O agrupamento das cinco espécies de *Squalus* apresentou 99% de suporte de bootstrap, indicando elevada estabilidade no conjunto de dados analisados. O resultado reforça a utilidade do COI como marcador molecular complementar à análise morfológica, especialmente diante das dificuldades de delimitação taxonômica descritas para o gênero.

Apesar disso, as conclusões devem ser consideradas no contexto do conjunto de dados utilizado, composto por seis sequências e um único marcador mitocondrial. A ampliação da amostragem e a utilização de outros marcadores e métodos filogenéticos poderão contribuir para uma avaliação mais robusta das relações evolutivas entre as espécies estudadas. Assim, o estudo atingiu seu objetivo ao proporcionar uma aplicação prática de conceitos de genética, evolução e bioinformática, destacando a importância dessas ferramentas para a investigação da biodiversidade dos elasmobrânquios.

Palavras-chave: Elasmobrânquios. Máxima Parcimônia. *Squalus*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

LAST, P. R.; WHITE, W. T.; STEVENS, J. D. Descriptions of new dogfishes of the genus *Squalus* (Squaliformes: Squalidae). In: LAST, P. R.; WHITE, W. T.; POGONOSKI, J. J. (ed.). Descriptions of new Australian Chondrichthyans.

Hobart: CSIRO Marine and Atmospheric Research, 2007. p. 229-250. (CSIRO Marine and Atmospheric Research Paper, 022).

LINNAEUS, C. Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. 10. ed. Holmiae: Laurentii Salvii, 1758. v. 1.

MACLEAY, W. Descriptive catalogue of the fishes of Australia. Part IV. Proceedings of the Linnean Society of New South Wales, Sydney, v. 6, p. 202-387, 1881. PHILLIPPS, W. J. New species of fishes from New Zealand. The New Zealand Journal of Science and Technology, Wellington, v. 13, n. 2, p. 130-134, 1931.

RISSO, A. Histoire naturelle des principales productions de l'Europe Méridionale et particulièrement de celles des environs de Nice et des Alpes Maritimes. Paris: F.-G. Levrault, 1827. v. 3.

TANAKA, S. Figures and descriptions of the fishes of Japan, including Riukiu Islands, Bonin Islands, Formosa, Kurile Islands, Korea, and southern Sakhalin. Tokyo Imperial University, Tokyo, v. 26, p. 455-474, 1917.



VIANA, S. T. F.; CARVALHO, M. R. de; GOMES, U. L. Taxonomy and morphology of species of the genus *Squalus* Linnaeus, 1758 from the Southwestern Atlantic Ocean (Chondrichthyes: Squaliformes: Squalidae). *Zootaxa*, Auckland, v. 4133, n. 1, p. 1-89, 2016.