

Análise filogenética e identificação molecular de isópodos terrestres do gênero *Benthana* (Crustacea, Isopoda)

Nalim Maria Gheno¹, Julia Daiane Zilio¹, Julia Holz¹, Isabelly Oliveira Mallmann¹, Bianca Laís Zimmermann^{1*}

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) - *Campus* Ibirubá. Ibirubá, RS.

*Orientador(a)

Embora novos dados e metodologias estejam ganhando espaço no campo da taxonomia, a grande maioria das espécies de isópodos terrestres ainda é descrita com base apenas na morfologia. O gênero *Benthana* foi recentemente revisado e atualmente compreende um grupo monofilético de 28 espécies que ocorrem no sul da América do Sul. No entanto, a ampla distribuição geográfica de algumas das espécies, aliada à presença de poucos caracteres diagnósticos, levanta dúvidas sobre a validade das espécies descritas. O objetivo deste estudo foi avaliar a utilidade do DNA barcoding, uma abordagem que utiliza uma sequência do gene COI presente no DNA mitocondrial como um sistema de "bioidentificação", semelhante a códigos de barras, para determinar a congruência entre a identificação morfológica e molecular das espécies pertencentes ao gênero *Benthana*. Ao todo, foram analisados 72 indivíduos pertencentes a 13 espécies de *Benthana* provenientes da coleção científica do Laboratório de Carcinologia da UFRGS. As extrações de DNA foram realizadas utilizando kit de extração e, em seguida, as amostras foram amplificadas e enviadas para sequenciamento. As sequências obtidas foram visualmente inspecionadas e alinhadas utilizando-se o algoritmo Muscle no programa MEGA 11. Distâncias genéticas intra e interespecíficas foram calculadas utilizando o modelo Kimura-2-parâmetros no mesmo programa. As árvores filogenéticas foram construídas com o método de máxima verossimilhança no programa MEGA 11, usando um suporte nodal estimado por 1.000 réplicas de bootstrap e o modelo evolutivo GTR+G+I. Como grupo externo foram utilizadas sequências de outras espécies de isópodos terrestres disponíveis no banco de dados do GenBank. Ao todo, foram obtidas 24 sequências pertencentes a dez espécies de *Benthana*, devido ao mal estado de conservação de algumas amostras. A filogenia molecular gerada demonstrou que *Benthana* compõem um grupo parafilético, ou seja, não forma um agrupamento biológico verdadeiro. Até mesmo em nível específico foram observados táxons parafiléticos, como no caso de *B. sulcata* e *B. taeniata*. Em relação às distâncias genéticas, observamos distâncias intraespecíficas baixas (zero a 0,72%) e distâncias interespecíficas muito altas (16,3 a 43,8%). Nossos resultados mostram que a análise molecular não corrobora a taxonomia atual de *Benthana*, que é baseada apenas na morfologia. Portanto, é imperativo reavaliar a sistemática desse gênero, incorporando uma variedade de ferramentas e diferentes fontes de evidência taxonômica.

Palavras-chave: Filogenia; DNA Barcoding; Tatuinhos-de-jardim.