

ANÁLISE FILOGENÉTICA DO GÊNERO CROCODYLUS¹

Dielly Eduarda Kaiser², Juliana Maria Fachinetto³

¹ Trabalho de Pesquisa Desenvolvido no Estágio em Ciências Biológicas II da Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul

² Aluna do curso de Ciências Biológicas da UNIJUÍ

³ Professora Orientadora do curso de Ciências Biológicas da UNIJUÍ

O método de sistemática filogenética é utilizado para classificar os seres vivos de acordo com suas relações evolutivas. Para fazer isso, árvores filogenéticas são criadas. Os cladogramas são árvores filogenéticas que mostram as relações de parentesco entre os organismos e são construídos de acordo com a sistemática filogenética ou cladística. Na ordem Crocodylia, a família Crocodylidae compreende três gêneros *Crocodylus*, *Osteolaemus* e *Mecistops*. Os estudos baseados nas características morfológicas, apoiaram a monofilia do gênero *Crocodylus* e também ilustrou a presença de duas linhagens de crocodilos - os do Novo Mundo e os do Indo-Pacífico. As espécies do Novo Mundo são *Crocodylus acutus*, *C. rhombifer*, *C. intermedius* e *C. moreletii*. E a linhagem Indo-Pacífico é composta por *C. novaeguineae*, *C. mindorensis*, *C. siamensis*, *C. porosus* e *C. johnstoni*. O seguinte trabalho irá explorar as relações filogenéticas entre *Osteolaemus tetraspis*, *Crocodylus niloticus*, *C. novaguineae*, *C. moreletii*, *C. intermedius*, *C. rhombifer*, *C. acutus*, *C. porosus*, *C. siamensis*, *C. palustris*, *C. johnsoni*. **Objetivos:** Esse estudo foi realizado com o propósito de analisar e compreender as relações filogenéticas entre as onze espécies de crocodilos e também aprender sobre o funcionamento de uma análise molecular filogenética. **Metodologia:** Com a utilização do software MEGAX (Molecular Evolutionary Genetics Analysis), foi realizada a conversão de dados genéticos moleculares de onze espécies de crocodilos da mesma família, Crocodylia, dez do gênero *Crocodylus* e a espécie *O. tetraspis* como o grupo externo. Desta análise, resultou a formação de uma árvore filogenética, o que habilitou a análise e compreensão das relações filogenéticas entre essas as espécies. O primeiro passo realizado, foi a busca por um gene em comum dessas onze espécies no site do NCBI (National Center for Biotechnology Information). O gene utilizado foi o ND4. Após selecionadas as espécies com o mesmo gene, foram exportadas em arquivo para o software de análise genética molecular (MEGAX). Lá, as sequências genéticas foram abertas e organizadas, de forma que elas se alinhassem para a leitura e formação da árvore filogenética. Para formar a árvore, foi utilizado o método de máxima parcimônia (a árvore mais curta, em relação ao número passos evolutivos como a melhor das hipóteses sobre a relação filogenética), e o teste de filogenia, Bootstrap com 10.000 repetições. Depois que a árvore foi construída, realizou-se o enraizamento desta no grupo externo, pois a raiz é o nó que define o posicionamento do ancestral em comum das espécies. **Resultados:** Como resultado, contrariando a literatura, indicou que o gênero *Crocodylus* não é monofilético, no qual a espécie *C. porosus* não agrupou

com as demais espécies do gênero. Além disso, ocorreu uma politomia, o que indicou relação filogenética entre as espécies *C. siamensis*, *C. palustris*, *C. johnsoni*, *C. novaeguineae*, não foi resolvida, provavelmente por dados genéticos insuficientes. As relações entre as outras cinco espécies foram esclarecidas, com os ramos bem suportados. As cinco espécies se dividiram e *C. niloticus* e as outras quatro que se dividiram em *C. moreletii* e as outras três. Estas três se dividiram em *C. intermedius* e as outras duas espécies mais próximas entre si, *C. rhombifer* e *C. acutus*. Algumas características foram levadas em conta para explicar essa filogenia. Por exemplo, o *C. rhombifer* e o *C. acutus* são os mais relacionados entre si, o que pode ser percebido pelo fato de os dois viverem na América Central, e já ser comprovado terem um ancestral em comum vindo da África. Apesar de o *C. acutus* conseguir viver em água doce, ele prefere ambientes de água salgada, ao contrário do *C. rhombifer*. Ambos possuem a mesma técnica de alimentação por salto. Apresentam a mesma época de reprodução que vai do final do outono ao início do inverno. Apesar de o *C. rhombifer* ser um pouco menor, o macho pode atingir mais de 3,50m, comparado ao *C. acutus* (machos podem atingir 4m), ele é mais agressivo, sendo dominante nas áreas em que os dois coexistem. Outra espécie mais próxima destes dois, é o *C. intermedius*, tendo seu hábitat na América Central em águas doces. Possui um tamanho maior (o macho pode atingir 4,1m). O terceiro mais próximo é o *C. moreletii* que tem seu habitat em água doces da América Central e atinge cerca de 3m. Sua reprodução também acontece entre o final do outono e início do inverno. A quarta espécie mais relacionada com o *C. acutus* e o *C. rhombifer*, é o *C. niloticus*. Essa espécie habita águas doces no continente africano. O macho varia de 3,5 e 5 m. O *C. acutus* e outros do Novo Mundo estão intimamente relacionados ao *C. niloticus* africano, indicando uma dispersão cruzada do Atlântico recente. O *C. niloticus* pode ser a espécie africana mais proximamente relacionada ao ancestral comum entre os crocodilos africanos e os do Novo Mundo. Estudos apresentam evidências de hibridização de *C. acutus* com *C. rhombifer*, e também entre *C. acutus* e *C. moreletii*. Esta possível hibridização pode ser devido à proximidade genética entre as referidas espécies. **Conclusão:** Em virtude dos fatos mencionados, pode-se esclarecer algumas relações filogenéticas, principalmente entre as espécies *C. niloticus*, *C. moreletii*, *C. intermedius*, *C. rhombifer* e *C. acutus*. Essas relações foram exploradas relacionadas à certas características das espécies. Tendo em vista que ocorreu uma politomia na árvore, a relação do restante das espécies não pode ser analisada, justamente pela falta de dados genéticos.

Palavras-chave: Crocodilos; Filogenia; Espécies.