

PRESENZA DI SPECIE CRIPTICHE *BRACHIDONTES*  
*VARIABLES-PHARAONIS* (BIVALVIA: MYTILIDAE)  
RIVELATA DALL'ANALISI DEL 28S-rDNA.

S. LO BRUTTO, T. CURATOLO, M. ARCULEO

t.curatolo@unipa.it

Dip. di Biologia Animale "G. Reverberi", Univ. di Palermo, Via Archirafi 18, 90123 Palermo

Negli ultimi anni, studi molecolari condotti su taxa appartenenti al genere *Brachidontes* (Bivalvia: Mytilidae) hanno identificato numerose specie-*complex*, all'interno delle quali si è dimostrata la presenza di linee filetiche ascrivibili al rango di specie.

Un esempio di queste specie criptiche, difficili da discriminare attraverso un approccio morfologico, è quello del sistema *Brachidontes variabilis-pharaonis*, rappresentato da tre cladi presenti in differenti aree geografiche (Oceano Pacifico, O. Indiano, Mar Rosso-Mar Mediterraneo).

Le tre linee sono state, in precedenza, identificate da geni mitocondriali (16S-rDNA e citocromo ossidasi subunità I); tuttavia, mancano di un confronto basato su geni nucleari, geni caratterizzati da un basso tasso evolutivo, che possa confermare l'ipotesi dello *status* di specie per ognuno dei tre cladi.

Per questo motivo, è stata condotta l'analisi di un frammento, lungo 549 bp, del gene nucleare ribosomale 28S-rDNA. Le sequenze esaminate presentavano 12 siti variabili, ed una divergenza nucleotidica dell'1.7 % tra il clade mediterraneo *B. pharaonis* e il clade dell'Oceano Indiano *B. variabilis* e dell'1.4% tra *B. variabilis* dell'Oceano Indiano e *B. variabilis* dell'Oceano Pacifico. Questi valori di divergenza possono confermare l'ipotesi del rango di specie delle tre linee filetiche; poiché, da un confronto con altre specie congeneriche, il gene 28S-rDNA mostra un grado di divergenza interspecifica pari ad un valore medio dell' 1.5%. L'analisi filogenetica è stata, infatti, estesa ad altre specie dello stesso genere, analizzate nell'ambito di questa ricerca (*B. rostratus* e *B. virgiliae*) e da altri autori (*B. exustus*, *B. adamsianus*; *B. semistriatus*; *B. semilaevis* e *B. rodriguezii*).

Lo studio finalizzato alla discriminazione delle tre specie criptiche potrà fornire nuovi dati per meglio comprendere le relazioni di parentela all'interno di questo genere, che ha mostrato, in numerosi casi, una diversità genetica non sempre supportata da un'eguale e proporzionale variazione fenotipica.