



BUONE SPECIE SENZA *BARCODING GAP*? PRIMI DATI GENOMICI SULLA FILOGENESI DELLE SPECIE ALPINE DEL GRUPPO *Erebia tyndarus* (LEPIDOPTERA)

PAOLO GRATTON¹, ALESSANDRA TRASATTI¹, GIORGIO RICCARDUCCI¹,
EMILIANO TRUCCHI², SILVIO MARTA¹, GIULIANA ALLEGRUCCI¹,
DONATELLA CESARONI¹, VALERIO SBORDONI¹

¹Dipartimento di Biologia, Università di Roma "Tor Vergata", ²Centre for Ecological and Evolutionary Synthesis (CEES), University of Oslo

I rappresentanti Alpini e Appenninici del gruppo *Erebia tyndarus* (Lepidoptera, Satyridae) rappresentano un complesso problema tassonomico e biogeografico che ha appassionato generazioni di lepidotterologi. Dati morfologici, cariotipici, ecologici, genetico-molecolari ed esperimenti di incrocio in laboratorio hanno portato a descrivere fino a cinque specie strettamente affini: *E. tyndarus*, *E. calcaria*, *E. nivalis*, *E. cassioides* ed *E. carmenta* (quest'ultima considerata spesso come una sottospecie di *cassioides*). Ciononostante, la delimitazione delle specie, le loro relazioni filogenetiche, e l'origine della loro peculiare distribuzione geografica, sono ancora poco chiare, tanto che questo gruppo è stato preso ad esempio di un taxon di 'cattive specie' per le quali la definizione di una tassonomia filogeneticamente 'corretta' può essere frustrante, o addirittura priva di senso (Descimon & Mallet, 2009).

In questo lavoro, abbiamo esteso i dati già disponibili sul DNA mitocondriale del gruppo *tyndarus*, sequenziando 1190 bp del gene *cox1* (comprendenti l'intera regione barcoding di ca. 650 bp) in 136 individui rappresentativi dell'intera distribuzione del gruppo, e applicato una tecnica di sequenziamento genomico a rappresentazione ridotta (RAD *sequencing*) su un sotto-campione di 45 individui.

I nostri risultati confermano l'assenza di un segnale filogenetico nel gene *cox1* che permetta di identificare la monofilia delle specie, che non mostrano sinapomorfie nell'intero tratto sequenziato. Al contrario, l'analisi di alcune centinaia di brevi sequenze nucleari (95 bp ognuna) permette di identificare quattro linee evolutive molto ben distinte, corrispondenti alle specie *E. tyndarus*, *E. nivalis*, *E. calcaria* ed *E. cassioides*+*carmenta*, seppure con dei probabili segnali di introgressione tra *E. nivalis* ed *E. tyndarus* nell'unica località dove queste si trovano in simpatria. La discrepanza tra i dati mitocondriali e i dati nucleari nei nostri risultati sottolinea l'importanza del flusso genico e della ricombinazione nel genoma nucleare nel definire l'identità filogenetica di specie che si trovano in uno stadio precoce di divergenza.