

Maiara Hartwig Bessa; Lizandra Jaqueline Robe (Orientadora)
 Instituto de Ciências Biológicas (ICB), Universidade Federal do Rio Grande (FURG)
 bessamail@gmail.com

Introdução

Mycodrosophila pertence ao grupo genérico *Zygothrica* de Drosophilidae e encontra-se distribuído por todo o globo, com aproximadamente 130 espécies micófagas obrigatórias (Courtney *et al.*, 1990). Uma de suas espécies, *Mycodrosophila projectans*, apresenta uma ampla distribuição na região Neotropical, sendo registrada do México ao Brasil (Bächli, 2015). Entretanto, evidências recentes sugerem que este taxon é, na verdade, um complexo de espécies crípticas (Machado, 2015).

Objetivo

O objetivo deste estudo é avaliar a existência de diversidade críptica dentro do complexo de *M. projectans*, bem como os padrões evolutivos e ecológicos associados a sua diversificação.

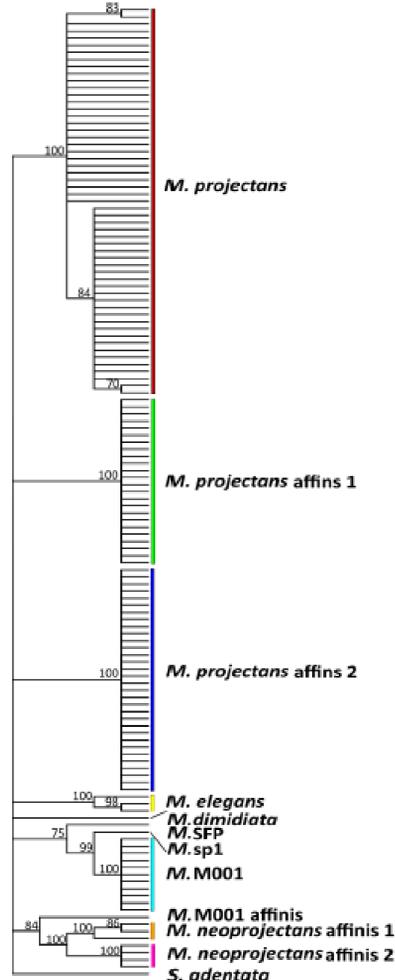


Figura 1. Filograma NJ de *Mycodrosophila* baseado nas sequências do gene COI. Números acima nos ramos internos são sustentações do bootstrap.

Metodologia

Indivíduos encontrados sobrevoando corpos frugívoros, pertencendo ao morfo-tipo alvo, foram coletados com o auxílio de um aspirador entomológico em diferentes pontos dos biomas Pampa, Mata Atlântica e Floresta Amazônica. Para acessar a identidade de cada espécimen, a metodologia do DNA-Barcode proposta por Herbert *et al.* (2003) foi aplicada para as sequências mitocondriais do gene COI (Figura 1). Além disso, o gene mitocondrial COII e o gene nuclear *hunchback* (Hb) também foram amplificados e sequenciados para um grupo de indivíduos, a fim de analisar os padrões evolutivos subjacentes. A caracterização morfológica foi executada com base na morfologia do edeago e na morfometria das asas. Foi usada a modelagem de nicho ambiental para analisar a distribuição potencial das espécies e os padrões de sobreposição de nicho.

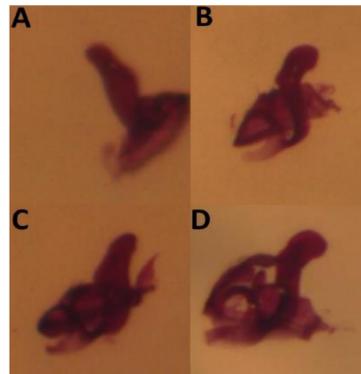


Figura 4. Padrões de edeagos vistos no complexo *M. projectans*. **A** *M. projectans*, **B** *M. projectans* affinis 1, **C** e **D** *M. projectans* affinis 2.

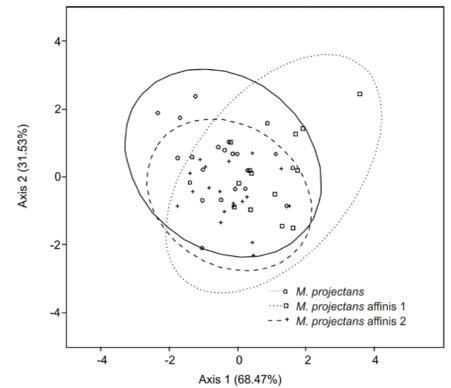


Figura 3. Plot Cartesiano das relativas deformações nas asas do complexo *M. projectans*.

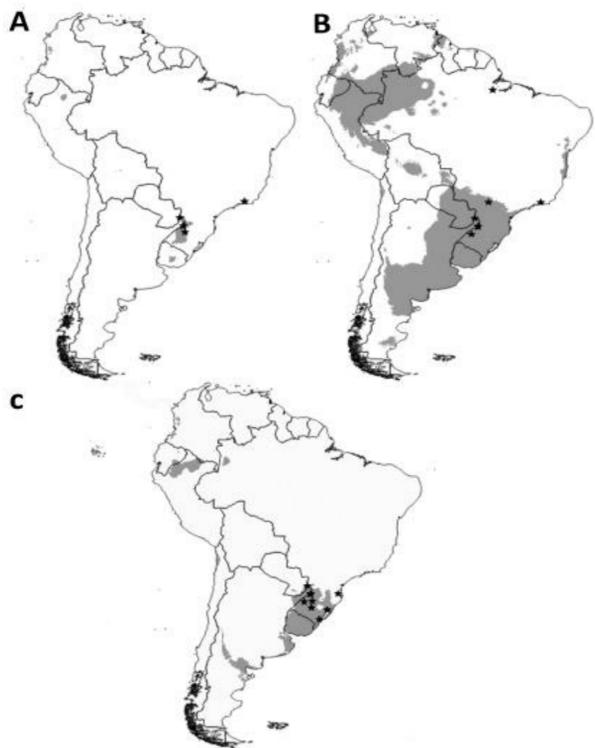


Figura 5. Modelo de distribuição de adequabilidade ambiental previstos por meio do MAXENT para o complexo *M. projectans*. **A** *M. projectans* affinis 1, **B** *M. projectans* affinis 2 e **C** *M. projectans*.

Resultados e Discussão

Por meio do *Median-joining Network*, foi possível observar a existência de três haplogrupos, com o mínimo de 34 passos mutacionais entre eles, e cada haplogrupo foi considerado uma nova espécie potencial (Figura 2): *M. projectans*, *M. projectans* affinis 1, e *M. projectans* affinis 2 (Machado, 2015). Observou-se que o fluxo genético intraespecífico é mantido apesar da distância, com haplótipos centrais e mais frequentes conectados com haplótipos periféricos e exclusivos através de poucos passos mutacionais.

O tempo de divergência foi estimado através do relógio molecular relaxado, usando uma porção conservada do gene Hb (~216 a 398pb). *M. projectans* affinis 1 apareceu como a primeira espécie a divergir, com este evento sendo datado para cerca de ~16,5 m.a. As outras duas espécies constituem, pois, espécies irmãs, cuja divergência foi estimada para ~10,5 m.a. Apesar disso, a morfometria das asas não mostrou padrões distintos entre as espécies (Figura 3), e nenhum dos morfotipos de edeagos revelou-se exclusivo para uma única espécie (Figura 4).

Embora exista uma grande diferença na amplitude de distribuição potencial, as três espécies foram encontradas em simpatria no noroeste do estado do Rio Grande do Sul e nenhuma comparação *pairwise* rejeitou a hipótese nula de equivalência de nicho (Figura 5).

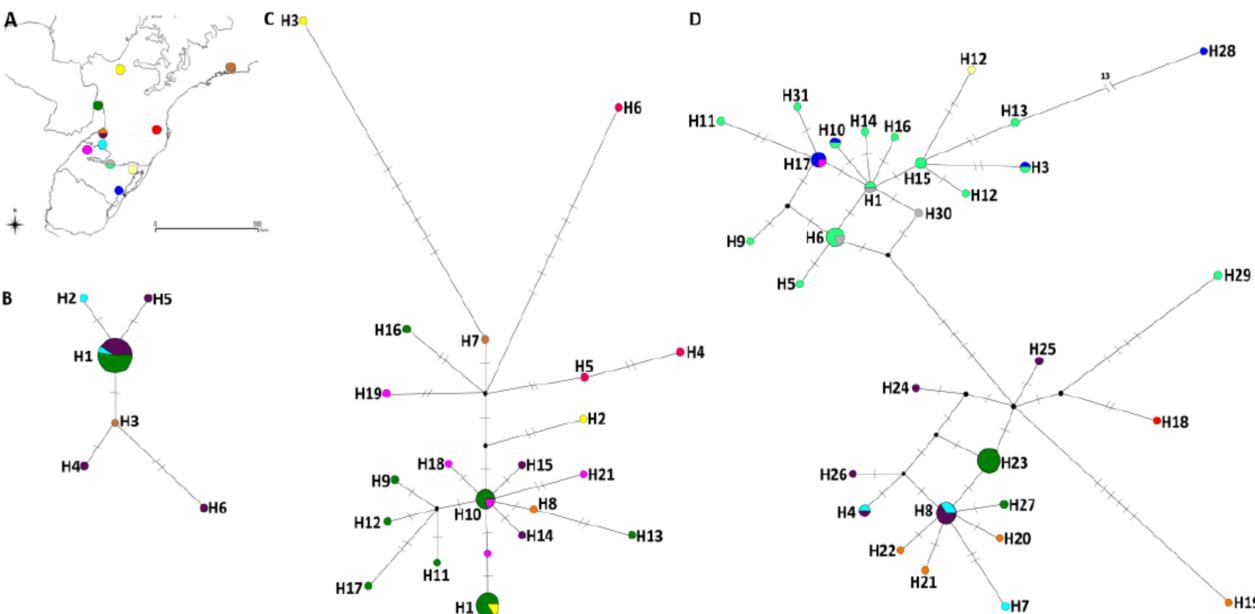


Figura 2. *Median-joining network* para os haplótipos COI encontrados no complexo *M. projectans*. **A** mapa mostrando os pontos de amostragem onde as espécies foram encontradas (círculos). Cada ponto é representado com diferentes cores para localizar a origem geográfica de cada haplótipo. **B** *M. projectans* affinis 1, **C** *M. projectans* affinis 2 e **D** *M. projectans*. O tamanho dos círculos é proporcional a frequência de cada haplótipo. Círculos pequenos e pretos representam *median vectors*. Traços nas linhas conectando os diferentes haplótipos representam o número de mutações entre eles. Rosa escuro em **B** representa um ponto de amostragem no norte do Brasil (Melgaço/PA), omitido no mapa **A** para facilitar a visualização da área.

Conclusão

O complexo de *M. projectans* constitui, portanto, um modelo interessante para estudos de especiação, por apresentar espécies crípticas e ecologicamente similares ocorrendo em simpatria e em sintopia.

Referências

- Bächli G. 2015. TaxoDros: The database on taxonomy of Drosophilidae. Version 1.04. Available from: <http://www.taxodros.uzh.ch/>.
- Courtney SP, Kibota TT, Singleton TA. 1990. Ecology of mushroom-feeding Drosophilidae. *Advances in Ecological Research* 20: 225–274.
- Hebert, PDN, Cywinska, A, Ball, SL & de Waard, JR 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. R. Soc. Lond. B* 270, 313–321.
- Machado, Stela. 2015. Aspectos Taxonomicos, Ecologicos e Evolutivos em Drosophilídeos Neotropicais. Tese de Doutorado, Universidade Federal de Santa Maria. 204p.