

XXV Congresso de Iniciação Científica da Unicamp

18 a 20 Outubro Campinas | Brasil

25 anos

2017



Revisão taxonômica do táxon *Ophiothrix (Ophiothrix) angulata* com base em análises de genes mitocondriais de espécimes oriundos de duas ecorregiões do Brasil.

Letícia D. Oliveira*, Renata A. S. Alitto, Helena Serrano, Karin R. Seger, Luciana B. Lourenço, Michela Borges.

Resumo

Ophiothrix (Ophiothrix) angulata possui grande variação fenotípica, e por isso, uma revisão taxonômica se faz necessária. Este trabalho buscou estudar espécimes de duas ecorregiões brasileiras com base na análise de dois genes mitocondriais (16S e CO1). Os resultados indicaram a existência de uma linhagem de *Ophiothrix* para cada ecorregião.

Palavras-chave:

DNA barcoding, Ophiuroidea, biodiversidade.

Introdução

Ophiothrix (Ophiothrix) angulata (Say, 1825) é um táxon com grande variação intraespecífica na morfologia, coloração e distribuição geográfica. Esta variedade fenotípica conduz a uma necessidade de revisão taxonômica para melhor delimitar o grupo, envolvendo novas tecnologias, como análises de DNA *barcoding*. Estudos recentes com base em análises de DNA mitocondrial foram capazes de definir linhagens genéticas para *Ophiothrix*, o que é importante para compreender independência evolutiva. Esse projeto visa analisar DNA mitocondrial (16S e CO1) de espécimes inicialmente identificados como *Ophiothrix (O.) angulata*, oriundos de 2 ecorregiões brasileiras: 1- Ilha Trindade e Martim Vaz (ITMV) e 2- Sudeste do Brasil (SB) [Baía do Araçá, SP (BA) e Complexo Estuarino de Paranaguá, PR (CEP)]. Com este estudo, foi possível compreender melhor a real diversidade da espécie em questão.

Resultados e Discussão

Os 28 espécimes estudados foram inicialmente separados em quatro espécies candidatas (CS) com base em observações de morfologia externa: CS1 e CS2 (ITMV), CS3 e CS4 (CEP e BA). Em seguida, foram submetidos à extração de DNA genômico, amplificação e sequenciamento dos genes mitocondriais 16S e CO1. As sequências foram comparadas às amostras do GenBank, e utilizadas para a inferência de relação filogenética pelo critério de máxima parcimônia (Figs. 1, 2). Foi estimada também a distância genética entre e dentro dos grupos por *p-distance* para cada gene.

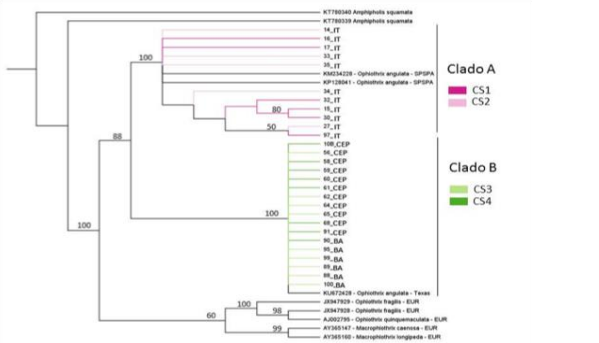


Figura 1. Consenso estriado de 140 árvores filogenéticas inferido por critério de Máxima Parcimônia referente às sequências do gene mitocondrial 16S dos espécimes estudados e amostras do GenBank, As cores representam as quatro espécies candidatas. Os números nos nós são valores de *Bootstrap*, e cada ramo é representado pelo número da amostra e sua localidade. Abreviações: BA: Baía do Araçá; CEP: Complexo Estuarino de Paranaguá; EUR: Europa; IT: Ilha Trindade; SPSPA: Ilha São Pedro e São Paulo.

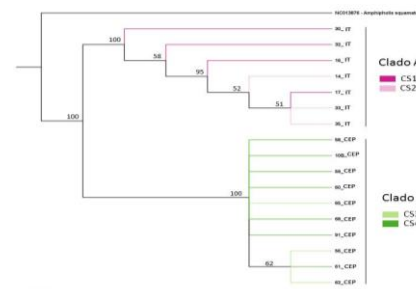


Figura 2. Consenso estriado de 2 árvores filogenéticas inferido por critério de Máxima Parcimônia referente às sequências do gene mitocondrial CO1 dos espécimes estudados e amostras do GenBank, As cores representam as quatro espécies candidatas. Os números nos nós são valores de *Bootstrap*, e cada ramo é representado pelo número da amostra e sua localidade. Abreviações: CEP: Complexo Estuarino de Paranaguá; IT: Ilha Trindade.

As filogenias resultantes foram congruentes, agrupando os espécimes de ITMV em um mesmo clado (A), e os espécimes de CEP e BA em um clado distinto (B). Esses agrupamentos são suportados pela baixa distância genética entre os exemplares de CS1 e CS2 (1,4% para 16S e 3,5% para CO1), e entre CS3 e CS4 (0,4% para 16S e 1,5% para CO1). Isso sugere a existência de duas linhagens, que apresentam alta distância genética entre si (11,7% para 16S e 17% para CO1).

A análise do gene 16S incluiu a amostra de *Ophiothrix (O.) angulata* do Texas no clado B, a qual apresentou baixa distância genética em relação aos espécimes de SB (0,8%). Devido à proximidade física entre Texas e a localidade tipo de *O. (O.) angulata* (Carolina do Norte, EUA), essa similaridade genética sugere que os espécimes de SB correspondem a espécie citada.

Os espécimes de ITMV apresentaram alta distância genética em relação ao do Texas, (variando de 11,7% a 12,1%), e possuem caracteres morfológicos não citados na descrição original de *Ophiothrix (O.) angulata*. Isso indica que os exemplares desta ecorregião pertencem a um táxon diferente, possivelmente, *Ophiothrix (O.) trinidadensis* (Tommasi, 1970).

Conclusões

Os resultados sugerem a existência de duas linhagens distintas de *Ophiothrix*. A linhagem de ITMV possivelmente corresponde a espécie *Ophiothrix (Ophiothrix) trinidadensis*, e a linhagem de SB, ao táxon *Ophiothrix (Ophiothrix) angulata*.

1 Pérez-Portela R, Almada V, Turon X. *Cryptic speciation and genetic structure of widely distributed brittle stars (Ophiuroidea) in Europe*. Zoologica Scripta. 2012, 42(2):151-169.