

Simpósio de Integração Acadêmica

“Bicentenário da Independência: 200 anos de ciência, tecnologia e inovação no Brasil e 96 anos de contribuição da UFV”

SIA UFV 2022



Estudo filogenético da radiação *tripunctata* e *virilis-repleta* (*Drosophila*: *Drosophilidae*) baseado em marcadores nucleares e mitocondriais

^{1,3}Letícia Carlesso de Paula Sena; ²Karla Yotoko

¹PPG em entomologia, ²Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil; ³leticia.c.sena@ufv.br

Palavras-Chave: Inferência Bayesiana, hipóteses filogenéticas, radiação *immigrans-Hirtodrosophila*

Categoria do trabalho: Pesquisa; Área de conhecimento: Ciências Biológicas e da Saúde; Área Temática: Biologia Geral.

Introdução

Throckmorton¹⁰ dividiu o subgênero *Drosophila* em radiações, ou seja, grupos de espécies que teriam especiado ao longo de curtos períodos. Dentre estas radiações, *virilis-repleta* e *immigrans-Hirtodrosophila* (contendo a radiação *tripunctata*) se originaram no Velho Mundo e apresentam ramificações no Neotrópico. As primeiras tentativas de elucidar sua história evolutiva foram propostas com base em um ou poucos genes cujas topologias reforçaram a hipótese de radiações¹². Trabalhos subsequentes adicionaram genes e os concatenaram com os previamente utilizados, gerando distintas topologias^{2,7,11}. No entanto, genes com diferentes taxas evolutivas, quando concatenados, podem omitir eventos ocorridos ao longo da evolução do grupo, podendo ser mais bem aproveitados em abordagens independentes⁸.

Objetivos

Comparar a detecção das radiações como grupos monofiléticos em hipóteses filogenéticas inferidas por métodos Bayesianas baseadas em cinco marcadores moleculares, três nucleares (*α-methyl dopa* – *amd*; *alcohol dehydrogenase* – *Adh* e 28S) e dois mitocondriais (Citocromo c Oxidase I e II – COI e COII), individualmente.

Material e métodos

As sequências foram obtidas no NCBI (*National Center for Biotechnology Information*). Para *outgroup* escolhemos espécies do Subgênero *Sophophora* do gênero *Drosophila* e espécies de Tephritidae, grupo irmão de *Drosophilidae*. Alinhamos com as ferramentas BLAST⁴ e MUSCLE¹, no MEGA-X³. O MrModelTest⁵ foi utilizado para inferir o melhor modelo de substituição de nucleotídeos e a Inferência Bayesiana foi feita no programa MrBayes⁹ com pelo menos 50 milhões de gerações. As árvores foram visualizadas e editadas no programa Figtree⁶.

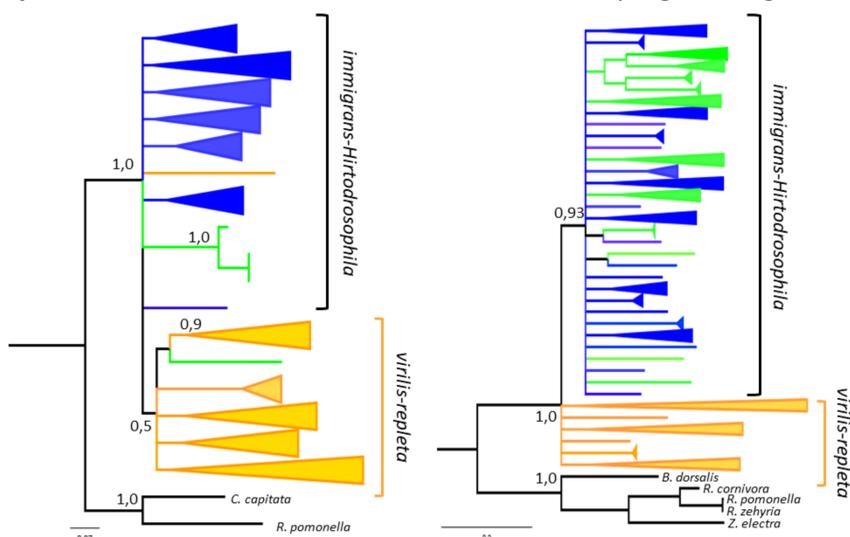


Figura 1: Inferência Bayesiana baseada nos marcadores moleculares mitocondriais (COI e COII, respectivamente) de espécies das radiações *immigrans-Hirtodrosophila* (radiação *tripunctata*, em azul + grupo *immigrans*, em verde) e *virilis-repleta* (representadas em laranja). Os *outgroups* foram representados em preto, sendo eles: *Ceratitis capitata* e *Rhagoletis pomonella* (COI) e *Bactrocera dorsalis*, *R. cornivora*, *R. pomonella*, *R. zehyria* e *Zonostemata electra* (COII). Apenas os nós com PP>0,95 foram representados, exceto destaques.

Resultado e Discussão

A radiação *tripunctata* foi recuperada apenas pelos marcadores *amd* e *Adh*. A radiação *virilis-repleta* foi recuperada por todos os genes nucleares, *amd*, *Adh* e 28S, enquanto a radiação *immigrans-Hirtodrosophila* foi recuperada pelo *amd*, 28S e COII. Em especial, o gene *amd* agrupou as radiações de forma similar ao visto em uma hipótese que concatenou diversos genes¹¹. Os marcadores mitocondriais (COI e COII) apresentaram topologias com politomias, que evidenciam eventos de especiação sucedidos em curto tempo (ramos ancestrais curtos) após o qual as espécies se diferenciaram muito em termos de sequências mitocondriais (ramos terminais longos).

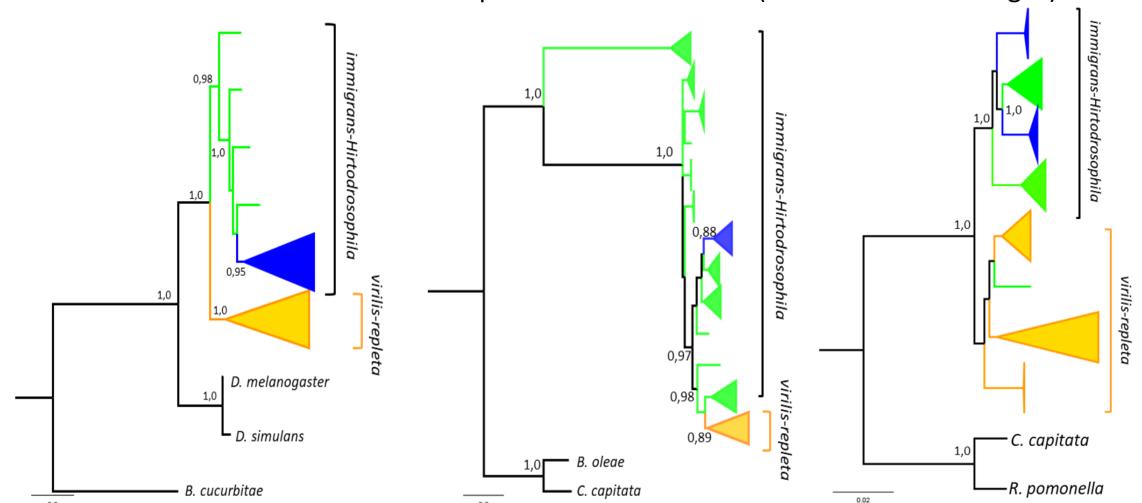


Figura 1: Inferência Bayesiana baseada nos marcadores moleculares nucleares (*amd*, *Adh* e 28S, respectivamente) de espécies das radiações *immigrans-Hirtodrosophila* (radiação *tripunctata*, em azul + grupo *immigrans*, em verde) e *virilis-repleta* (representadas em laranja). Os *outgroups* foram representados em preto, sendo eles: *B. cucurbitae* (*amd*), *B. oleae* e *C. capitata* (*Adh* e 28S) e *R. pomonella* (28S). Apenas os nós com PP>0,95 foram representados, exceto destaques.

Conclusões

As topologias apresentadas sugerem que os genes mitocondriais, por evoluírem mais rapidamente, mostram o caráter rápido dos eventos de especiação, enquanto os nucleares, especialmente o *amd*, evoluem mais lentamente, guardando sinal filogenético destes eventos.

Bibliografia

1. Edgar (2004) *Nucleic Acids Research* 32(5): 1792-97.
2. Hatadani et al. (2009) *Molecular Phylogenetics and Evolution* 51(3): 595-600.
3. Kumar et al. (2018) *Mol. Biol. Evol. Brief Communication*. 35(6): 1547-1549.
4. Madden (2002) *The NCBI Handbook*. Bethesda (MD): National Center for Biotechnology Information (US).
5. Nylander (2004) *Evolutionary Biology Center*.
6. Rambaut (2018) *Institute of Evolutionary Biology*.
7. Robe et al. (2010) *Genetica* 138(7): 725-735.
8. Rokas et al. (2003) *Trends in Ecology & Evolution* 18(8): 411-417.
9. Ronquist et al. (2012) *Syst. Biol.* 61: 539-542.
10. Throckmorton (1975) *Handbook of Genetics* 421-459.
11. Van Der Linde et al. (2010) *Genetics Research* 92(01): 25.
12. Yotoko et al. (2003) *Molecular Phylogenetics and Evolution* 28(3): 614-619.

Apoio e Agradecimentos



Pós-Graduação em Entomologia
Universidade Federal de Viçosa