

XXVII Congresso de Iniciação Científica Unicamp

16 a 18 de outubro de 2019 - Campinas | Brasil



Ophiothela mirabilis do Brasil: uma nova linhagem geográfica?

Gabriela Granadier*, Renata Alitto, Michela Borges.

Resumo

Este trabalho tem por objetivo a revisão taxonómica do gênero *Ophiothela*, analisando espécimes do Brasil e Estados Unidos. O estudo se fez necessário devido a sobreposição de caracteres morfológicos, dificultando o reconhecimento da espécie pela taxonomia tradicional. Por isso os exemplares foram estudados com base na análise dos genes mitocondriais 16S e COI. Os resultados obtidos pela distância genética e Análise de Variância Molecular (AMOVA) indicam que os grupos são geneticamente distintos e bem estruturados, indicando baixo ou nulo fluxo gênico entre eles. Sendo assim provavelmente *Ophiothela* sp. do Brasil representa uma linhagem diferente da Flórida.

Palavras-chave:

Echinodermata, Ophiuroidea, DNA barcoding.

Introdução

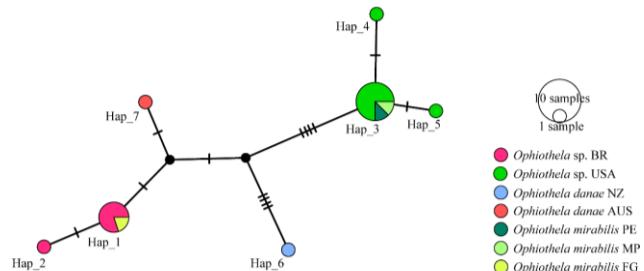
Registrado no Brasil em 2000, o gênero *Ophiothela* foi tratado como invasor, provavelmente trazido por correntes marinhas ou água de lastro de navios. É um gênero com inúmeros problemas taxonômicos, sobreposição de caracteres morfológicos e, sua reprodução preferencialmente assexuada, dificulta o reconhecimento específico pela taxonomia tradicional, uma vez que os espécimes sofrem constantes fissões que alteram sua morfologia. Assim, este trabalho objetivou uma revisão taxonómica com base em outra ferramenta, o estudo da biologia molecular dos espécimes. Foram extraídos o DNA genômico, amplificado e sequenciado os genes mitocondriais 16S e COI. Ao todo foram analisados 29 espécimes, sendo 17 do Brasil (BR) e 12 dos Estados Unidos (EU). Foram sequenciados 29 fragmentos de 16S (17 de BR e 11 de EU) e 13 de COI (5 de BR e 8 de EU). As sequências do gene COI foram comparadas com: i) *Ophiothela danae* da Nova Zelândia (NZ) e Austrália (AUS) (2 sq); ii) *Ophiothela vincula* da AUS (2 sq); iii) *Ophiothela venusta* de Madagascar (MA) (1 sq); iv) *Ophiothela tigris* de MA (1 sq) e v) *Ophiothela mirabilis* do Peru (PE), Pacífico do México (MP) e Guiana Francesa (FG). A distância genética entre e dentro dos grupos foi estimada por p-distance usando o MEGA v. 7.0, ignorando as lacunas de alinhamento ao comparar as sequências. As matrizes do 16S e do COI foram submetidas ao AMOVA (Analise de Variância Molecular) testadas para avaliar a distância genética entre e dentro dos grupos estudados. O índice de fixação global (FST) foi calculado para verificar o fluxo gênico entre os grupos. O teste foi simulado com 10000 permutações no software Arlequin v. 3.1. A rede de haplótipos foi construída usando o método TCS no PopArt v1.7.

Resultados e Discussão

A distância genética observada para os genes 16S e COI entre *Ophiothela* sp. BR e EU é considerada baixa (0,72% para 16S e 1,58% para o COI). Com relação ao COI, as sequências mais semelhantes à *Ophiothela* sp. BR e EU foram *O. mirabilis* e *O. danae* com uma distância genética de 1,48% e 2,78%, respectivamente. O teste da AMOVA mostrou 100% de variabilidade genética para o gene 16S de *Ophiothela* sp. BR e EU, enquanto a diversidade genética entre esses grupos teve um total de 0%. Para o gene COI o mesmo teste mostrou 51,90% na variabilidade genética entre *Ophiothela* sp. BR, EU e *O. danae* e *O. mirabilis*. A

diversidade genética entre esses grupos foi de 18,70%. O índice geral de fixação (FST) foi de 1,00 (16S) e 0,70 (COI). Estes resultados indicam que os grupos são geneticamente distintos e bem estruturados, indicando baixo ou nulo fluxo gênico entre eles. A rede de haplótipos para o 16S (FIG. 1) indica a existência de duas linhagens divergentes: i) *Ophiothela* sp. BR e ii) *Ophiothela* sp. EU, sem haplótipos intermediários. A divergência entre as linhagens tem apenas um passo mutacional. Para o gene COI a rede de haplótipos indica a existência de 7 sete haplótipos. Os haplótipos do Brasil estão mais relacionados aos de *O. mirabilis* da Guiana Francesa e *O. danae* da Austrália. Enquanto os dos Estados Unidos estão mais relacionados aos da *O. mirabilis* do Peru e *Ophiothela mirabilis* do Pacífico do México.

Figura 1. Rede de haplótipos baseado nas sequências de COI de *Ophiothela* spp.



Conclusões

Os espécimes do Brasil estão mais geneticamente relacionados com espécimes do Oceano Atlântico, enquanto os da Flórida estão mais relacionados com espécimes do Oceano Pacífico. Constatamos assim que, provavelmente *Ophiothela* sp. do Brasil representa uma linhagem diferente da Flórida. Estas diferentes linhagens podem ter sido originadas por meio de diferentes invasões ou eventos introdutórios.

Agradecimentos

FAPESP (Processo nº 2017/09987-3; 2018/10313-0). CAPES PDSE (Processo 88881.131940/2016-01). Karin R. Seger e Profª. Luciana B. Lourenço por disponibilizarem o LABESC para a realização deste trabalho.

¹ Hoareau, T. B., & Boissin, E. (2010). Design of phylum-specific hybrid primers for DNA barcoding: addressing the need for efficient COI amplification in the Echinodermata. Molecular Ecology Resources, 10(6), 960–967.