

Seraphim, N<sup>1.</sup>; Silva-Brandão, K.L.; Freitas, A.V.L. & Azeredo-Espin, A.M.L.

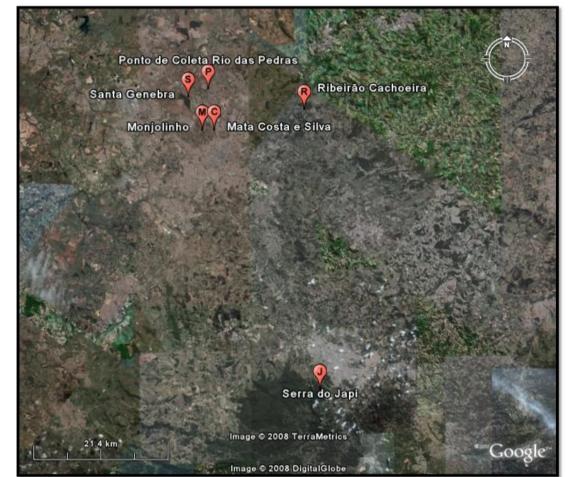
Lepidoptera - Ecologia molecular - *Hermeuptychia hermes*

1. autor para correspondência: noemyseraphim@gmail.com



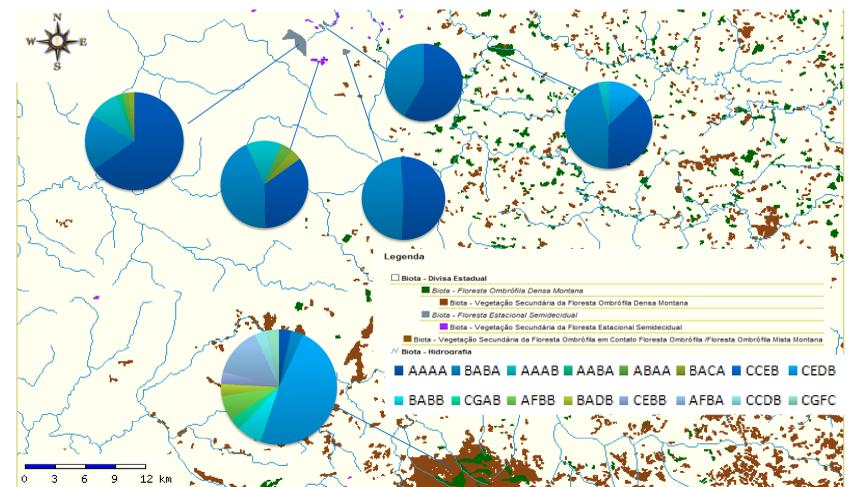
### Introdução

*Hermeuptychia hermes* (Nymphalidae: Satyrinae) é uma borboleta frugívora comum em áreas de borda de mata e campos abertos na região Neotropical. Sua distribuição estende-se desde o sul do continente Americano até a Flórida - EUA. Nesse projeto procurou-se caracterizar a estrutura genética de cinco populações dessa espécie na região de Campinas (Mata Santa Genebra, Ribeirão Cachoeira, Monjolinho, Costa e Silva e mata Ciliar do Rio das Pedras) e uma população de Jundiaí (Serra do Japi), São Paulo, utilizando-se a técnica de PCR-RFLP.



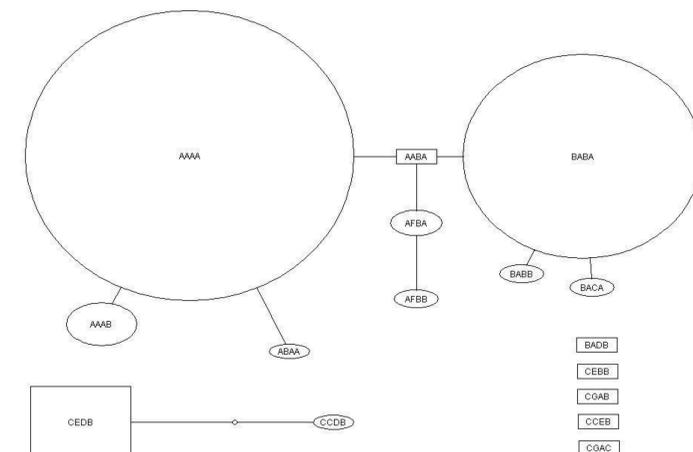
### Material e Métodos

A região amplificada inclui os genes COI e COII do DNAMit, e foi tratada com quatro endonucleases, Acil, AseI, MnlI e HaeIII. A soma dos padrões de cada uma das enzimas para cada um dos indivíduos produziu um haplótipo composto específico para cada indivíduo amostrado. Foi realizado, com o programa Arlequin, o teste de AMOVA para determinar o  $F_{st}$  da população e o teste de Mantel para testar a correlação entre a distância linear e a distância genética linearizada ( $F_{st}$  Slatkin). Uma rede de haplótipos foi gerada com o programa TCS, para analisar suas relações evolutivas. A região 5' terminal do COI do DNAMit (região "barcode") foi seqüenciada para os indivíduos que apresentaram diferentes haplótipos compostos, a distância genética foi estimada no programa MEGA, utilizando-se o Neighbour-Joining e o método Kimura-2-parâmetros, os ramos da árvore gerada foram testados com Bootstrap.



### Resultados

As comparações dos padrões de sítios de restrição entre as populações resultaram em um  $F_{st}$  total de 0,276 ( $p < 0,01$ ) - valor que indica níveis elevados de estruturação genética, especialmente na escala geográfica estudada (48km) - e a correlação entre a distância genética ( $F_{st}$ ) e a distância geográfica obtida pelo teste de Mantel não foi significativa ( $p=0,56$ ). Quando as populações da região de Campinas foram analisadas separadamente, o  $F_{st}$  encontrado foi de 0,0538 ( $p < 0,01$ ), o que sugere uma moderada estruturação, mesmo nesta escala geográfica ainda menor (18km). A análise de Neighbor-Joining usando a região "barcode" resultou em uma árvore com dois cladogramas, com uma divergência genética de 6,2% entre eles. A diferenciação dentro de um mesmo clado foi inferior a 0,3%. Três indivíduos não se agruparam em nenhum dos cladogramas, possuindo uma divergência de 2,9% e 5,2% em relação aos outros dois grupos e uma divergência de até 1,2% entre eles. A rede de haplótipos mostrou duas linhagens separadas entre si e cinco haplótipos que não se encaixaram em nenhuma das duas.

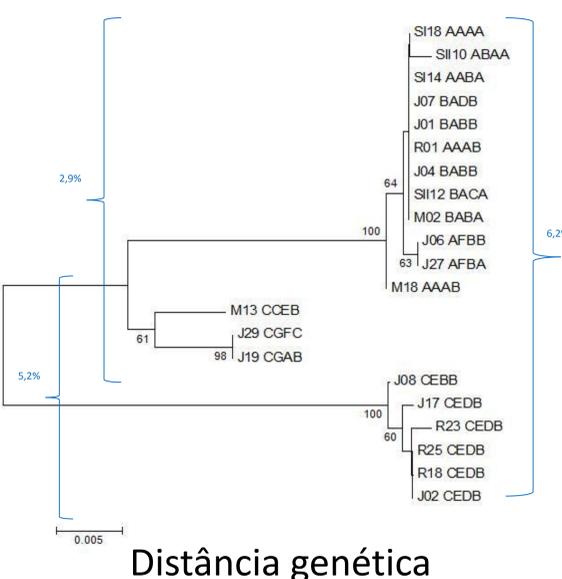


Rede de haplótipos



### Conclusão

A grande estruturação encontrada pode ser explicada pela presença de mais de uma espécie nas populações amostradas, uma possibilidade sugerida pela divergência genética na região "barcode", e pela análise da rede de haplótipos.



Distância genética