



Estudo das teias tróficas do predador *Hippodamia convergens* (Coleoptera: Coccinellidae) pela análise metagenômica do DNA mitocondrial presente no conteúdo gastrointestinal

Renata V. Timbó^{1,3}, Paulo R. M. Queiroz², Edison R. Sujii³, Marcelo de M. Brígido⁴, Alfried P. Vogler⁵, Débora P. Paula³

¹Doutoranda em Biologia Molecular, Depto de Biologia Celular, 70910-900 ICB, UnB, Brasília, DF, Brasil. Email: renata.timbo@gmail.com. ²UnICEUB, 70790-075 Brasília, DF, Brasil. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Caixa Postal 02372, 70770-917 Brasília, DF, Brasil.

⁴Programa Pós-Graduação em Biologia Molecular, Depto de Biologia Celular, 70910-900 ICB, UnB, Brasília, DF, Brasil. ⁵Imperial College London, Museu de Historia Natural, Londres-Inglatera.

O objetivo geral desse trabalho consiste na identificação de presas de agentes de controle biológico para comparação de suas teias tróficas em fazendas em diferentes estágios de manejo agroecológico no Distrito Federal. Desenvolvemos um experimento-piloto para avaliar o potencial de utilizarmos a ferramenta molecular metagenômica para identificação de espécies pela análise do DNA mitocondrial até então ainda não aplicada a esse tipo de estudo ecológico, sendo o coccinelídeo *Hippodamia convergens* o primeiro predador a ter o DNA do conteúdo gastrointestinal sequenciado, dada a sua abundância nas áreas. As amostragens ocorreram quinzenalmente entre 10-12/2012 (captura manual entre 9 e 12:00 h) e os espécimens foram imediatamente preservados em etanol 100% e, 4h após a captura, armazenados a -20°C. Fez-se a dissecação do trato gastrointestinal de seis espécimens (de mesma data e local) e a extração do DNA total para construção da biblioteca TruSeq (1µg de DNA) e sequenciamento em Illumina MiSeq (inserto 600 pb, paired-end, 250 bases forward e reverse, 1 lane, cobertura 20 X). Foram obtidas 1.443.651 reads (Phred20), as quais fez-se o alinhamento (BLASTn, cut-off: e-value $\leq e^{-100}$, identidade $\geq 90\%$ em fragmento de 240-250 b) com o banco de dados contendo 386 mitogenômas da ordem Insecta (GenBank), 7 mitogenômas parciais e genes COI e CtyB de 20 potenciais presas (incluindo predadores intraguilda e *H. convergens*) do agroecossistema em estudo. Pode-se verificar que 7% do material genético detectado foi mtDNA da ordem Insecta, do qual 98,8% correspondeu ao mtDNA do próprio predador e 1,2% de 10 espécies pertencentes a quatro ordens (Hemiptera: Aphis sp., Orius sp., Thrips sp., Euschistus sp.; Lepidoptera: Spodoptera sp., Helicoverpa sp.; Coleoptera: Coleomegilla sp., *Hippodamia* sp., Harmonia sp. e Hymenoptera), incluindo predadores intraguilda. Comprovou-se que a metagenômica do mtDNA é uma ferramenta molecular promissora para estudos de Ecologia de Insetos.

Palavras-chave: teias tróficas, metagenômica, mtDNA.

Apoio: Embrapa, UnB, Imperial College London, Museu de Historia Natural de Londres