

Universidade Federal do Paraná
Setor de Ciências Biológicas, Departamento de Zoologia
Laboratório de Sistemática de Insetos Aquáticos (LABIA)

**Taxonomia, evolução morfológica, molecular e espacial de libélulas
neotropicais (Insecta: Odonata): identificando padrões e inferindo processos**

Projeto de pesquisa apresentado ao Departamento de Zoologia da UFPR para fins de cadastro das atividades de pesquisa coordenadas pelo docente conforme exigência do regime de trabalho de 40h com Dedicação Exclusiva (DE) especificada na Resolução CEPE Nº 34/12.

Dr. Ângelo Parise Pinto

Curitiba

2017

SUMÁRIO

1. Resumo	3
2. Abstract.....	3
3. Introdução	4
4. Justificativa	5
5. Objetivos.....	8
5.1 Objetivo geral.....	8
5.1 Objetivo específicos (próximos 10 anos)	8
6. Material e Métodos	9
7. Resultados Esperados.....	12
7. Referências	13
8. Cronograma de Atividades Parcial (2017-2027).....	Erro! Indicador não definido.

1. RESUMO

Odonata é uma das linhagens mais antigas de Pterygota, reúne os insetos conhecidos popularmente como libélulas. São importantes predadores em ambientes aquáticos continentais. Comparativamente constitui um grupo pequeno com cerca de 6000 espécies, distribuídas em três subordens, das quais Anisoptera é a de maior riqueza. Embora a fauna de libélulas da América Latina destaca-se com uma das mais ricas, também é uma das menos conhecidas. O Brasil é o país detentor da maior riqueza de Odonata em toda a biosfera, com mais de 860 espécies distribuídas em 14 famílias. Devido a Crise da Biodiversidade, aliado ao fenômeno reconhecido como Impedimento Taxonômico, estudos taxonômicos e faunísticos tem se destacado nos últimos anos e atualmente ocupam papel central nas ciências biológicas. O presente plano de trabalho se insere neste contexto e visa fomentar projetos em desenvolvimento pelo grupo de pesquisa do docente, os quais objetivam uma compreensão e caracterização de toda a diversidade de Odonata na região Neotropical e assim promover a consolidação de uma rede de conhecimento com a formação de recursos humanos que auxiliem na elaboração de ações mitigatórias a inerente perda da biodiversidade. O presente projeto tem como alguns dos principais objetivos a curto e longo prazo, como segue: (1) inventariar e caracterizar a fauna dos insetos da ordem Odonata (libélulas) do domínio da Mata Atlântica, bem como realizar análises taxonômicas integrativas de grupos endêmicos selecionados e assim fomentar diversos subprojetos, parte dos quais atualmente estão em execução pela equipe do projeto; (2) apresentar revisões taxonômicas de pelos menos sete gêneros das famílias Heteragrionidae, Aeshnidae, Corduliidae *s.l.* e Libellulidae; (3) identificar componentes bióticos (áreas de endemismo) para as espécies da latino-americanas e correlacionar as regionalizações existentes (áreas de endemismo) e discutir seus possíveis processos causais em relação aos principais eventos históricos; (4) realizar análises filogenéticas integrativas com diferentes fontes de dados incluindo dados morfológicos e moleculares.

2. ABSTRACT

Odonata is one of the oldest lineages of Pterygota, it comprises the insects commonly known as dragonflies. They are important predators in aquatic environments. Comparatively

is a small group with about 6000 species, divided into three suborders of which Anisoptera is the greatest in diversity. Although the Odonata fauna of Latin America stands out with one of the more species-rich, it is also one of the least known. Brazilian dragonfly fauna is the higher in number of species in the entire biosphere, with 860 species in 14 families. Due to the Biodiversity Crisis, coupled with the phenomenon known as Impediment Taxonomic, faunal studies has been highlighted in recent years and currently occupy a central role in the biological sciences. The present work plan is inserted in this context and aims to promote the projects under supervision of the teacher research group, which aim understand and characterize all diversity of Odonata in the Neotropical region and thus promote the consolidation of a knowledge network with the training of human resources that help in the elaboration of mitigating actions the inherent loss of biodiversity. The present project has some of its main short and long term objectives, , as follows: (1) to inventory and characterize the fauna of insects of the order Odonata (dragonflies) of the Atlantic Forest domain, as well as to carry out integrative taxonomic analyzes of selected endemic groups and thus to foment several subprojects, some of which are currently in elaboration by the project team; (2) to present taxonomic revisions of at least seven genera of the families Heteragrionidae, Aeshnidae, Corduliidae *s.l.* and Libellulidae; (3) Identify biotic components (areas of endemism) for Latin American species and correlate existing regionalizations (areas of endemism) and discuss their possible causal processes in relation to major historical events; (4) perform integrative phylogenetic analyzes with different data sources including morphological and molecular data.

3. INTRODUÇÃO

Os insetos da ordem Odonata, popularmente conhecidos como libélulas, estão entre os animais mais carismáticos. Compreende um pouco mais de 6000 espécies (Dijkstra et al. 2013), distribuídas em todas as regiões biogeográficas, sendo a Neotropical e a Oriental as de maior riqueza (Kalkman et al. 2008). São importantes predadores em ambientes de água doce e organismos modelos para pesquisas comportamentais, ecológicas e evolutivas. Embora menos rica que as ordens megadiversas em especial as de Holometabola, sua posição na filogenia torna um grupo chave para a compreensão da evolução dos Pterygota.

Os adultos predominantemente heliófilos são comumente encontrados em áreas abertas com alta incidência solar. Devido a suas cores vistosas e voo elegante, suas espécies possuem grande apelo popular. Tanto as larvas como os adultos são predadores generalistas vorazes e por ocasionalmente se alimentarem de insetos prejudiciais aos seres humanos são considerados benéficos (Suhling et al. 2015).

Embora a fauna de Odonata da América do Sul destaca-se com uma das mais ricas, também é uma das menos conhecidas (Kalkman *et al.* 2008). A fauna de libélulas do Brasil é a de maior riqueza em toda a biosfera, com 860 espécies (incluindo subespécies) distribuídas em 14 famílias (Pinto 2016). Comparativamente possui 187 e 310% maior número de espécies que a Venezuela e Argentina, respectivamente, os quais são os países mais bem conhecidos do continente (De Marmels 1990, von Ellenrieder & Muzón 2008). No entanto, a real riqueza no Brasil está distante de ser determinada, em virtude da elevada taxa de descrições de novas espécies na última década (e.g. Machado 2009, Pinto & Lamas 2010, 2011, Machado & Bedê 2015, Garrison & von Ellenrieder 2015).

O presente projeto tem como principais objetivos inventariar e caracterizar a fauna dos insetos da ordem Odonata (libélulas) da região Neotropical, bem como realizar análises taxonômicas integrativas de grupos endêmicos selecionados e assim fomentar diversos subprojetos, parte dos quais atualmente estão em execução pela equipe coordenada pelo docente.

4. JUSTIFICATIVA

A fauna de Odonata da América latina figura entre as mais ricas e uma das menos estudadas de todas as regiões biogeográficas, de fato a região representa uma das últimas fronteiras a ser investigada, especialmente a respeito à taxonomia. Atualmente não existe nenhum estudo abrangente que reúna todas as espécies e que forneça dados básicos sobre sua distribuição, bibliografia, número e coleção de depósito de espécimes, que promovam e facilitem investigações futuras. Isso faz com que a maior parte das predições, extrapolações sobre riqueza e abundância sejam meramente especulativas. Dentre os países latino-americanos apenas para a Argentina e Venezuela há uma considerável consolidação do conhecimento, embora novos táxons ainda sejam reconhecidos regularmente. O projeto trata-se de um importante passo para a formalização do conhecimento das libélulas sul-

americanas, visa preencher uma lacuna importante ao fornecer uma sinopse sobre a distribuição das espécies e localização dos espécimes citados na literatura e depositados nas principais coleções brasileiras, as quais reúnem o maior número de espécimes-tipo das espécies registradas na região.

O coordenador do projeto tem atuado ativamente em diversos programas de pós-graduação sediados no Paraná e no Rio de Janeiro, ministrando disciplinas, na orientação de alunos de graduação e pós-graduação; tem participado de bancas julgadoras de seminários de avaliação e de conclusão de curso e na execução de diversos projetos de pesquisa. Atualmente é Professor Adjunto do Departamento de Zoologia da UFPR, onde atua como pesquisador em projetos de taxonomia, sistemática molecular e biogeografia de insetos aquáticos e pesquisador colaborador do Depto de Entomologia, Lab. de Biologia e Sistemática de Odonata, Museu Nacional, UFRJ. Seus principais projetos de pesquisa são sobre taxonomia, sistemática filogenética, biogeografia e conservação de libélulas e sobre teoria e prática em diversas áreas da Biologia Comparada, Entomologia e Sistemática.

Atualmente é coordenador de Odonata no “Catálogo Taxonômico da Fauna do Brasil (CTFB)” < <http://fauna.jbrj.gov.br/> > e integra diversos projetos de pesquisa em colaboração com pesquisadores brasileiros e estrangeiros com destaque para “Biodiversidade de Insecta na Amazônia Rede BIA” (CNPq 407627/213-8); “Informatização das coleções biológicas do Instituto de Biologia da Universidade Federal do Rio de Janeiro: Coleção Entomológica Professor José Alfredo Pinheiro Dutra” (CNPq 67/2013) e especialmente “Conhecer para proteger: medindo a riqueza de insetos do Parque Nacional do Itatiaia” aprovado no Programa “Apoio ao Estudo da Biodiversidade do Estado do Rio de Janeiro – 2014” (Biota – RJ, FAPERJ 200199) coordenado por Marcela L. Monné Freire (MN/UFRJ) em que objetiva mapear a fauna do parque, para o qual é responsável por uma *web page* com atlas *online* e lista de espécies com acesso público < <http://www.museunacional.ufrj.br/labiosis> > .

O projeto visa fortalecer esses grupos de pesquisas em que o docente está vinculado, i.e., “Insetos Aquáticos” e “Sistemática Molecular de Insetos” do Lab. de Entomologia do Instituto de Biologia e do Lab. de Biologia de Odonata do Museu Nacional, além de colaborar na fundação de um grupo de pesquisa em sistemática de insetos aquáticos no DZ/UFPR e incrementar a Coleção Entomológica Pe. Jesus Santiago Moure DZUP/UFPR.

O projeto visa ainda subsidiar dissertações e teses sob a orientação do docente junto ao PPG-Biodiversidade e Biologia Evolutiva (UFRJ) com a tese de doutorado de Ana L. A.

Pimenta, intitulada “Evolução de Protoneuridae com ênfase no clado *Roppaneura*+ e delimitação de espécies do complexo azul de *Forcepsioneura* Lencioni, 1999 (Odonata: Zygoptera)”, com bolsa CAPES; também junto ao PPG em Entomologia, da Universidade Federal de Lavras a dissertação de mestrado de Larissa F. R. Silva, intitulada “Revisão taxonômica das espécies brasileiras do grupo *Rhionaeschna punctata* Martin (Odonata: Aeshnidae)”, com bolsa CNPq. Ambos têm como foco espécies exclusivas da Mata Atlântica ou endêmicas da Mantiqueira.

Em relação ao projeto apresentado, face às estimativas que expõem um cenário sombrio para a conservação da biodiversidade, cerca de 20% de todas as espécies animais e vegetais tendem a serem extintas nos próximos 30 anos e mais de 50% até o fim do século XXI devido a ações humanas. A Crise da Biodiversidade (e.g. Singh 2002), aliado ao fenômeno reconhecido como Impedimento Taxonômico, o qual exprime a incapacidade da comunidade científica descrever a biodiversidade antes que os organismos, ecossistemas e consequentemente seus serviços sejam extintos (e.g. Ebach et al. 2011), assim estudos de compreensão da biodiversidade atual como pesquisas faunísticas e de evolução morfológica e espacial tem se destacado nos últimos anos e atualmente ocupam papel central nas ciências biológicas.

A proposta se insere neste contexto e visa fomentar projetos em desenvolvimento, os quais objetivam a caracterização da fauna de insetos da Mata Atlântica e assim promover à consolidação de uma rede de conhecimento que auxilie a elaboração de ações mitigatórias inerente a perda de biodiversidade no mais ameaçado domínio Mata Atlântica. Trata-se de um passo essencial em direção ao objetivo mais abrangente que visa fornecer um guia completo para as libélulas para essa região, parte do guia está em desenvolvimento como integrante do projeto “Conhecer para proteger: medindo a riqueza de insetos do Parque Nacional do Itatiaia” (Biota – RJ, FAPERJ).

A equipe executora contém pesquisadores de outras três instituições sediadas no Brasil como: o Museu Nacional (UFRJ), Instituto de biologia DZ/UFRJ e Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais, formando uma rede de colaboração no estudo da fauna de insetos aquáticos no Brasil. A participação na execução será desde obtenção de dados, orientação de alunos, bem como análise e interpretação dos resultados. Além de estudantes com seus projetos já em andamento (uma aluna de doutorado PPG-BBE/UFRJ e uma aluna de Mestrado PPGE/UFLA) contribuirá na orientação de alunos e

diferentes níveis de formação tanto na UFPR, como em outras instituições.

Por fim, ressalta-se que a adoção de novas técnicas e fontes de dados em estudos taxonômicos têm resultado na renascença da disciplina. Atualmente são poucos os estudos direcionados para investigar e propor hipóteses robustas sobre evolução das espécies de libélulas neotropicais. Exemplos de inúmeras espécies têm sido coletadas sendo a associação aos nomes disponíveis difíceis, assim como os limites entre as populações utilizando técnicas tradicionais complexas. Em um impressionante estudo de taxonomia integrativa permitiu a descoberta de 60 novas espécies de libélulas no continente Africano, as quais eram ignoradas utilizando técnicas tradicionais (Dijkstra et al. 2015).

Abordagens holísticas utilizando diferentes fontes de dados fazem com que predições sobre processos evolutivos e biogeográficos deixam de ser especulativas. Portanto, é imperativo incorporar fontes de dados distintas para propor hipóteses mais robustas. Neste contexto, este projeto trata-se de um importante passo para a formalização do conhecimento sobre a diversidade das libélulas no continente americano.

5. OBJETIVOS

5.1 Objetivo geral

O objetivo principal é contribuir para a compreensão da morfologia, relacionamento filogenético e evolução espacial de Odonata por meio da realização de análises taxonômicas, filogenéticas e biogeográficas integrativas das espécies de libélulas ocorrentes na região Neotropical, o que refletirá em um incremento na formação de recursos humanos.

5.2 Objetivo específicos

Ao se tratar de um projeto sem previsão de encerramento são relacionados abaixo apenas os objetivos específicos a curto e logo-prazo, como segue: (1) inventariar e caracterizar a fauna dos insetos da ordem Odonata (libélulas) do domínio da Mata Atlântica, bem como realizar análises taxonômicas integrativas de grupos endêmicos selecionados e assim fomentar diversos subprojetos, parte dos quais atualmente estão em execução pela equipe do projeto; (2) Inventariar as libélulas da Serra da Mantiqueira e revisar as espécies do gênero *Heteragrion* (Zygoptera: Heteragrionidae) ocorrentes nessa cadeia de montanhas por meio da realização de análises integrativas utilizando técnicas tradicionais e moleculares (DNA-barcoding) com o desenvolvimento de um catálogo *online* sobre a fauna de Libélulas

da Serra Mantiqueira com fotos em alta resolução expandido site já elaborado pelo docente < <http://www.museunacional.ufrj.br/labiosis/odonata.html> >; (3) Identificar componentes bióticos (áreas de endemismo) para as espécies da América do Sul e correlacionar as regionalizações existentes (áreas de endemismo) e discutir seus possíveis processos causais em relação aos principais eventos históricos; (4) realizar análises filogenéticas integrativas com diferentes fontes de dados incluindo dados morfológicas e moleculares; (5) apresentar revisões taxonômicas para pelos menos sete gêneros das famílias Heteragrionidae, Aeshnidae, Corduliidae s.l. e Libellulidae;

6. MATERIAL E MÉTODOS

Considerando um projeto com objetivos diversos o material e métodos a serem empregados serão adaptados com as questões investigativas de cada subprojeto, assim apenas informações gerais, potencialmente comuns a todos projetos, são brevemente discriminadas a seguir.

6.1 Áreas de Estudo – Diversas unidades de conservação na Mata Atlântica estão sendo investigadas, como por exemplo, as localizadas nas seções no Mosaico da Mantiqueira nas seguintes localidades: Minas Gerais, Floresta Nacional de Passa Quatro (ICMBio) e Parque Estadual da Serra do Papagaio (IEFMG); Rio de Janeiro, Parque Nacional do Itatiaia (ICMBio); São Paulo, Parque Estadual de Campos de Jordão (IF-SMA). Na Serra do Mar em São Paulo, Parque Estadual da Ilha do Cardoso (IF-SMA); e Paraná, Reserva Particular do Patrimônio Natural Guaricica (ICMBio/SPVS). Algumas áreas na Amazônia brasileira como a Floresta Nacional de Carajás no Pará e as áreas integrantes do projeto “Biodiversidade de Insecta na Amazônia Rede BIA” aprovado junto a “Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal - REDE BIONORTE” também está sendo estudadas atualmente. As áreas possuem diferentes formações fisiográficas, com isso objetiva-se obter maior abrangência das diferentes biótopos.

Serão realizadas expedições com duração de variável de acordo com o objetivo de cada subprojeto. As coletas serão realizadas ao longo de corpos d’água (e.g. riachos, poças, fitotelmas) em segmentos amostrais a serem definidos. Adultos serão capturados com redes entomológicas, coletas utilizando armadilhas luminosas e Malaise serão empregadas com métodos complementares para aumentar a eficiência na captura (De Almeida et al. 2013).

Imaturos serão coletados em diferentes substratos como macrófitas com o auxílio de peneiras. O material será preservado à seco depois de fixado; as larvas em etanol a 80%. Para as análises moleculares uma perna mesotorácica será extraída e preservada individualizada em álcool absoluto. Todo material obtido será depositado em coleções públicas, sendo o principal fiel depositário a Coleção Entomológica Pe. Jesus Santiago Moure DZUP/UFPR a qual receberá material testemunho de toda produção científica gerada.

6.2 Procedimentos Gerais – A nomenclatura da morfologia será baseada em Garrison et al. (2006) e quando apropriado bibliografia adicional será utilizada. As medidas e as ilustrações serão feitas com o auxílio de estereomicroscópio equipado com uma câmera clara. Os espécimes serão fotografados com um estereomicroscópio equipado com uma câmera, e as imagens combinadas em programas específicos; espécimes inteiros, com técnicas fotográficas regulares. Adicionalmente ao material a ser obtido nas coletas, serão examinadas coleções de referência.

6.3 Caracteres moleculares – Para a extração do DNA será utilizado o kit de extração DNeasy Blood & Tissue Kit (QIAGEN), sem destruição do espécime testemunho. Serão escolhidos pelo menos dois marcadores moleculares. A utilização de múltiplos marcadores se faz necessária, uma vez que podem apresentar taxas de substituição diferentes. Os protocolos de extração, amplificação e *primers* seguem a metodologia de Ware et al. (2007, 2009) e Dijkstra et al. (2014). Os seguintes fragmentos foram previamente selecionados e utilizados em Odonata: o gene mitocondrial Citocromo oxidase C subunidade I e o gene nuclear da subunidade 18S. A purificação e o sequenciamento das amostras amplificadas serão feitas pela empresa Macrogen (Coréia do Sul). As fitas obtidas de cada amostra serão alinhadas e checadas com o programa Geneious R7 (Biomatters 2013) para obtenção de uma sequência de consenso. As sequências serão alinhadas usando os parâmetros de Muscle (Edgar 2004) pelo programa MEGA 6 (Tamura et al. 2011).

6.4 Análises – Para as análises de DNA-*barcoding* os modelos de taxa de substituição e métodos para cálculo da distância genética serão determinados com maior exatidão após a análise dos dados obtidos, porém, conforme as técnicas de DNA-*barcoding* (Hebert et al. 2003), o modelo Kimura dois parâmetros (Nei & Kumar 2000) e a análise de *Neighbour-Joining* (NJ), são as mais adequadas.

Para as composições das assembleias (diversidade alfa), serão utilizados índices de diversidade observada (Sobs) e abundância relativa (Magurran & McGill 2011). Assim curvas

de rarefação serão fornecidas (Gotelli & Colwell 2011). Comparação entre assembleias serão realizadas através de: (1) análise de *cluster* com não ponderada Método *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic averages* (UPGMA) por meio do índice de Sørensen (Jost et al 2011) PAST versão 3.12 (Hammer et al 2001); e (2) índice de complementaridade calculado com $CJK = UJK / SJK$ (equação 17 em Colwell & Coddington 1994).

As análises cladísticas serão realizadas utilizando o programa TNT versão 1.1 (Goloboff & Catalano 2016). Uma análise “simultânea” irrestrita aplicando a parcimônia cladística (sensu Farris 1983) será realizada, com a polarização determinada após o enraizamento (cf. Nixon & Carpenter 1993). Durante todas as estratégias de busca apenas árvores estritamente suportadas pelos dados serão investigadas, assim nós com comprimento mínimo igual a zero serão colapsados em todas as árvores (Nixon & Carpenter 1996a). Os caracteres serão tratados como não ordenados (parcimônia de Fitch 1971) e com pesos iguais numa primeira aproximação, e os resultados comparados através do consenso estrito (Sokal & Rohlf 1981). A ponderação implicada (IW, Goloboff 1993) aplicando diferentes valores para a constante de concavidade (K) agindo como uma ‘análise de sensibilidade’ (Wheeler 1995; Goloboff et al. 2008b) será adotada como hipótese principal de relacionamento. Para os dados moleculares os *indels* (*gaps* codificados como “–”) serão tratados como quinto estado enquanto para os dados morfológicos como ausentes.

A relativa estabilidade dos ramos será avaliada com três índices: Suporte de Bremer Relativo (Goloboff & Farris 2001), uma forma modificada do *Bootstrap* com reamostragem de *Poisson* (próximo à simetria $p \approx 37$), bem como do *Jackknife* com reamostragem simétrica (SR) de $p = 33$. O detalhamento dos procedimentos segue Pinto (2013).

Serão feitas análises probabilísticas usando inferência Bayesiana e o critério de Máxima Verossimilhança nos programas MrBayes 3.2. (Ronquist et al. 2012) e GARLI 2.0 (Zwickl 2006). Os modelos de evolução das sequências mais apropriados para as análises probabilísticas serão calculados e selecionados utilizando o critério de informação Akaike (Akaike 1974) que compara todos os modelos possíveis e escolhe aquele com a menor perda de informação (Lemey et al. 2009) no programa jMODELTEST (Posada 2008). A estabilidade dos ramos será calculada através das probabilidades posteriores de clados (Alfaro et al. 2003). As árvores resultantes nas análises serão editadas através dos programas Figtree 1.3 (Rambaut 2006-2009).

Análise biogeográfica. Nos projetos a ser desenvolvidos serão aplicados métodos da

Biogeografia Histórica como ferramentas para identificação e interpretação do padrão de distribuição. A Biogeografia Histórica está fundamentada em grupos de táxons e em eventos relacionados a processos ocorridos em grandes escalas espaciais e temporais (Crisci *et al.* 2006). Uma síntese de suas premissas e métodos pode ser consultada em Crisci (2001) e Posadas *et al.* (2006). Para inferir os processos históricos e interpretar o padrão de distribuição atual serão realizadas análises com métodos baseados em eventos (Ronquist & Sanmartín 2011) a partir das árvores filogenéticas obtidas, utilizando duas abordagens: Análise de Dispersão e Vicariância modificada incorporando incerteza topológica (S-DIVA, Yu *et al.* 2010) implementado no programa RASP (Yu *et al.* 2011) e o modelo de Dispersão-Extinção-Cladogênese (DEC) implementado no programa LAGRANGE (Ree & Stephen 2008).

Para a análise com o modelo DEC será necessário a utilização de tempos de divergência dos clados, sendo estimados através do programa BEAST (Drummond *et al.* 2012). Para a calibração dos pontos de divergência serão utilizados fósseis.

As coordenadas geográficas serão preferencialmente obtidas diretamente das etiquetas de coleta dos espécimes ou dos artigos originais, quando ausentes por consulta a bases de dados digitais ("*gazetteers*"), sendo para o Brasil a *Malha Municipal 2005* e *Mapa ao Milionésimo* (IBGE 2007), para outras localidades em bancos de dados digitais ou fontes impressas. Os mapas serão gerados com o programa QGIS e posteriormente modificados em um editor de imagem.

7. RESULTADOS ESPERADOS

Os resultados das atividades de pesquisas estão vinculados à produção em artigos científicos distintos, contendo revisões taxonômicas de imaturos e adultos de espécies latino-americanas de Odonata, análises filogenéticas combinadas e biogeográficas baseadas em eventos. Espera-se que a maior parte dos subprojetos seja desenvolvida com a participação de estudantes e que sejam realizados no âmbito de monografias de conclusão de curso, dissertações e teses. Os projetos envolverão pesquisadores colaboradores brasileiros e estrangeiros, bem como alunos de diferentes estágios de envolvimento científico o que refletirá em um incremento numa rede colaborativa e na formação de recursos humanos para a instituição. Outros trabalhos menores são esperados como resultado das orientações e colaborações em andamento e futuras.

8. REFERÊNCIAS

- Akaike, H. 1974 A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control* 19 (6): 716-723.
- Alfaro, M.E.; Zooler, S.; & Lutzoni, F. 2003. Bayes or Bootstrap? A Simulation Study Comparing the Performance of Bayesian Markov Chain Monte Carlo Sampling and Bootstrapping in Assessing Phylogenetic Confidence. *Molecular Biology and Evolution* 20 (2): 255–266.
- Colwell RK, Coddington JA (1994) Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation. *Philos Trans R. Soc B* 345:101–118
- Corbet PS (1999) *Dragonflies: behavior and ecology of Odonata*. Cornell University Press, Ithaca, p 864
- Crisci J (2001). The voice of historical biogeography. *Journal of Biogeography* 28(2): 157–168.
- Crisci JV., Sala OE., Katinas L. & Posadas P. (2006). Bridging historical and ecological approaches in biogeography. *Australian Systematic Botany*, 19(1), 1-10.
- De Almeida MVO, Pinto AP, Carvalho AL, Takiya DM (2013) When rare is just a matter of sampling: unexpected dominance of clubtail dragonflies (Odonata, Gomphidae) through different collecting methods at Parque Nacional da Serra do Cipó, Minas Gerais State, Brazil. *Rev Bras Entomol* 57(4):417–423 doi: 10.1590/S0085-56262013005000042
- De Marmels, J. (1990). An updated checklist of the Odonata of Venezuela. *Odonatologica*, 19, 333–345.
- Dijkstra K-DB, Bechly G, Bybee SM, Dow RA, Dumont HJ, Fleck G, Garrison RW, Hämäläinen M, Kalkman VJ, Karube H, May ML, Orr AG, Paulson DR, Rehn AC, Theischinger G, Trueman JWH, van Tol J, von Ellenrieder N, Ware J (2013). The classification and diversity of dragonflies and damselflies (Odonata). In: Zhang Z-Q (Ed.) *Animal Biodiversity: An Outline of Higher-level Classification and Survey of Taxonomic Richness* (Addenda 2013). *Zootaxa* 3703(1):36–45 doi:10.11646/zootaxa.3703.1.9
- Dijkstra K-DB, Kipping J, Mézière N (2015) Sixty new dragonfly and damselfly species from Africa (Odonata). *Odonatologica* 44(4): 447-678.
- Dijkstra K-DB., Kalkman VJ, Dow RA, Stokvis, FR, & van Tol, J. 2014. Redefining the damselfly families: the first comprehensive molecular phylogeny of Zygoptera (Odonata).

- Systematic Entomology 39: 68-96.
- Drummond, A.J, Suchard, M.A., Xie, D. & Rambaut A.2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7 Molecular Biology And Evolution 29: 1969-1973. Disponível em <http://beast.bio.ed.ac.uk/> (Acessado em 7de outubro de 2014).
- Ebach MC, Valdecasas AG & Wheeler QD (2011). Impediments to taxonomy and users of taxonomy: accessibility and impact evaluation. *Cladistics* 27(5), 550-557.
- Edgar RC. 2004. "MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity". *BMC Bioinformatics* 5 (1): 113.
- Farris, J. S. (1983). The logical basis of Phylogenetic analysis. In Platnick, N. & Funk, V. A. *Advances in Cladistics*, Volume 2. (pp. 7–36). New York: Columbia University press.
- Fitch, W. M. (1971). Toward defining the course of evolution: minimum change for a specific tree topology. *Systematic Zoology*, 20, 406–416.
- Garrison RW, von Ellenrieder N (2015) Damselflies of the genus *Argia* of the Guiana Shield (Odonata: Coenagrionidae). *Zootaxa* 4042(1):1–134 doi: 10.11646/zootaxa.4042.1.1
- Garrison, R.W.; von Ellenrieder, N. & Louton, J.A. (2006). *Dragonfly genera of the New World: an illustrated and annotated key to the Anisoptera*. Baltimore: The John Hopkins University Press, XIV+368p.
- Goloboff, P. A. & Farris, J. S. (2001). Methods for quick consensus estimation. *Cladistics*, 17, S26–S34.
- Goloboff, P. A. (1993). Estimating character weights during tree search. *Cladistics*, 9, 83–91.
- Goloboff, P. A., & Catalano, S. A. (2016). TNT version 1.5, including a full implementation of phylogenetic morphometrics. *Cladistics*, 32(3), 221-238.
- Goloboff, P. A., Carpenter, J. M., Arias, J. S. & Miranda Esquivel, D. R. (2008). Weighting against homoplasy improves phylogenetic analysis of morphological data sets. *Cladistics*, 24, 758–773.
- Gotelli NJ. & Colwell RK (2011). Estimating species richness. *Biological diversity: frontiers in measurement and assessment*, 12, 39-54.
- Hammer Ø, Harper DAT, Ryan PD (2001) PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontol Electronica* 4(1): 1–9 [version 3.12, 2016]
- Hebert, P.D., Ratnasingham, S., & de Waard, J. R. (2003). *Barcoding animal life: cytochrome*
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). 2007. *Carta Internacional ao Milionésimo*. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/download/geociencias.shtm>

- Jost L, Chao A, Chazdon RL (2011) Compositional similarity and β (beta) diversity. In: Magurran AE, McGill BJ. Biological diversity: Frontiers in measurement and assessment. Oxford University Press, Oxford, pp 66–84.
- Kalkman VJ, Clausnitzer V, Dijkstra K-DB, Orr AG, Paulson DR, van Tol J (2008) Global diversity of dragonflies (Odonata) in freshwater. *Hydrobiol* 595:351–363 doi: 10.1007/s10750-007-9029-x
- Machado ABM & Bedê LC (2015). Two new genera and nine new species of damselflies from a localized area in Minas Gerais, Brazil (Odonata: Zygoptera). *International Journal of Odonatology*, 18, 269–296. doi: 10.1080/13887890.2015.1072113
- Machado ABM (2009). Denticulobasis and Tuberculobasis, new genera close to Leptobasis, with description of ten new species (Odonata: Coenagrionidae). *Zootaxa*, 2108, 1–36.
- Nei M & Kumar S. (2000). Molecular evolution and phylogenetics. Oxford university press.
- Nixon, K. C. & Carpenter, J. M. (1993). On outgroups. *Cladistics*, 9, 413–426.
- Nixon, K. C. & Carpenter, J. M. (1996). On consensus, collapsibility, and clade concordance. *Cladistics*, 12, 305–321.
- Pinto AP (2016) Odonata. In: Boeger WA, Zaher H, Rafael JA, Valim MP (2016) Catálogo Taxonômico da Fauna do Brasil. PNUD. <http://fauna.jbrj.gov.br/> Accessed 1 Mar 2016
- Pinto AP, Lamas CJE (2010) *Navicordulia aemulatrix* sp. nov. (Odonata, Corduliidae) from northeastern Santa Catarina State, Brazil. *Rev Bras Entomol* 54(4):608–617 doi: 10.1590/S0085-56262010000400012
- Pinto AP, Lamas CJE (2011) *Oligoclada mortis* sp. nov. from Rondônia State, Brazil, and distributional records of other species of the genus (Odonata: Libellulidae). *Int J Odonatol* 14(4):291–303 doi: 10.1080/13887890.2011.629942
- Posada, D. (2008). jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular biology and evolution*, 25(7), 1253-1256.
- Posadas P, Crisci J. V., & Katinas, L. (2006). Historical biogeography: a review of its basic concepts and critical issues. *Journal of Arid Environments*, 66(3), 389-403.
- Qgis Development Team. QGIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. <http://www.qgis.org/>.
- Ree, R.H. & Stephen, A.S. 2008. Maximum Likelihood Inference of Geographic Range Evolution by Dispersal, Local Extinction, and Cladogenesis. *Sistematic Biology* 57 (1): 4–14.
- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D.L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu,

- L., Suchard, M.A. & Huelsenbeck, J.P. 2012 MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space. *Systematic Biology* 61 (3): 539-542.
- Singh JS (2002). The biodiversity crisis: a multifaceted review. *Current Science* 82(6), 638-647.
- Sokal, R.R. & Rohlf, F.J. (1981). Taxonomic congruence in the Leptopodomorpha reexamined. *Systematic Zoology* 30: 309–325.
- Suhling F, Sahlén G, Gorb S, Kalkman VJ, Dijkstra KB & van Tol, J. (2015) Order Odonata. In: THORP JH & ROGERS C. *Ecology and General Biology: Freshwater Invertebrates*. Academic Press, 2015. p. 893-930.
- Tamura, K, Stecher, G, Peterson, D, Filipski, A, & Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729. Disponível em <http://www.megasoftware.net/> (Acessado em 6 de outubro de 2014).
- von Ellenrieder N & Muzón J (2008). An updated checklist of the Odonata from Argentina. *Odonatologica* 37, 55–68.
- Ware, J.L., May, M. & Kjer, K. 2007. Phylogeny of the higher Libelluloidea (Anisoptera: Odonata): An exploration of the most speciose superfamily of dragonflies. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45: 289-310.
- Wheeler, W. C. (1995). Sequence Alignment, Parameter Sensitivity, and the Phylogenetic Analysis of Molecular Data. *Systematic Biology*, 44, 321–331.
- Yu, Y., Harris, A.J. & He, X. 2010. S-DIVA (Statistical Dispersal-Vicariance Analysis): A tool for inferring biogeographic histories. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56 (2): 848-850.
- Zwickl, D.J. 2006. Genetic algorithm approaches for the phylogenetic analysis of largebiological sequence datasets under the maximum likelihood criterion. Ph.D. dissertation, The University of Texas at Austin. Disponível em <http://garli.googlecode.com> (Acessado em 6 de outubro de 2014).