

## Plan Overview

---

*A Data Management Plan created using DMPTool-Stage*

**Title:** Exploring evolutionary history of lichen moths by integrated approach (Lepidoptera: Lithosiini)

**Creator:** Simeão Moraes

**Affiliation:** State University of Campinas (unicamp.br)

**Principal Investigator:** simeao de souza moraes, André V L Freitas

**Data Manager:** simeao de souza moraes, André V L Freitas

**Project Administrator:** simeao de souza moraes, André V L Freitas

**Funding opportunity number:** 58916

**Template:** UNICAMP-GENERIC: Aplicável a todas as áreas

### **Project abstract:**

The biological diversity of the neotropics has a number of specialists inversely proportional to the number of groups to be studied. With regard to moths, this is especially true, since, with rare exceptions, few taxonomist doctors are working in this area in Brazil. Lithosiini moths are popularly known as lichen moths because of the foraging habit of larvae. The tribe is represented by over 3150 species distributed in 457 genera. A survey in Brazil indicate the presence of 212 species distributed in 52 genera. Although the monophyly of Lithosiini is being consistently corroborated by morphological and molecular data, there is still a gap on the knowledge and identity of suprageneric groups. The main difficulty in obtaining a phylogenetic hypothesis that may or may not corroborate the established suprageneric groups is the reduced taxonomic sampling used in the previous studies. Those studies on systematic and taxonomy show that a broader taxonomic sampling is necessary for a better understanding of the relationship within Lithosiini. For this objective to be achieved, it is necessary to find a balance between the volume of data accessed and the number of taxa included in the future studies. Knowing that a better understanding of morphological and molecular variation is fundamental for the characterization of taxonomic groups, for the resolution of systematic problems, and for the establishment of an evolutionary narrative, is proposed here a study for Lithosiini using molecular and morphological data obtained from sanger sequencing and comparative morphology of androconia. In addition, this project aims to contribute to the increase and curation of selected families of moths in the collection of the Unicamp Biodiversity Museum (ZUEC) and to the training of human resources through orientation of students.

**Start date:** 06-30-2021

**End date:** 06-29-2023

**Last modified:** 12-10-2020

**Copyright information:**

The above plan creator(s) have agreed that others may use as much of the text of this plan as they would like in their own plans, and customize it as necessary. You do not need to credit the creator(s) as the source of the language used, but using any of the plan's text does not imply that the creator(s) endorse, or have any relationship to, your project or proposal

---

## Exploring evolutionary history of lichen moths by integrated approach (Lepidoptera: Lithosiini)

Serão realizadas coletas de Lepidoptera em unidades de conservação. Os espécimes coletados serão depositados em instituições fiéis depositárias. Serão obtidas fotografias dos espécimens e imagens de microscopia eletrônica de varredura. Para as análises moleculares amostras de tecidos serão obtidas e depositadas em um banco de tecidos no Museu da Biodiversidade da Unicamp, a partir dessas amostras será feito acesso a alguns marcadores genéticos.

Para as imagens obtidas dos espécimes e da MEV, os metadados estarão disponíveis em planilhas do microsoft excel. As sequências genéticas e os metadados associados, tais como nome das espécies, dados de localidade e planta hospedeira, ficarão disponíveis na base de dados do Genbank.

As amostras coletadas em campo serão realizadas mediante a emissão de licença de coleta pelo Instituto Chico Mendes para biodiversidade e por autorização dos proprietários (áreas particulares) ou gestores (Unidades de Conservação) das áreas a serem visitadas. Os espécimes utilizados em publicações serão cadastrados na plataforma SISGEN para acesso do patrimônio genético.

Os dados moleculares (sequências) serão inicialmente depositados em um repositório particular VoSeq (Voucher and DNA Sequence Web Application) (Peña & Malm, 2012). Após a publicação dos artigos, as sequências serão disponibilizadas para acesso público no Genbank, juntamente com as informações associadas aos vouchers (dados de localidade e fotografias).

Os espécimes coletados e as amostras de tecidos serão depositados primariamente no Museu da Biodiversidade da Universidade Estadual de Campinas (exemplares adicionais poderão ser eventualmente depositados em outras coleções). As imagens obtidas dos espécimes serão armazenadas em Tagged Image File Format (TIFF), que permite a leitura em qualquer software de imagens e armazenados em HD e em nuvem. As sequências genéticas serão armazenados em arquivos formato FASTA e a leitura pode ser efetuada em programas de leitura de texto ou softwares de análises moleculares.

As fotografias e imagens de microscopia serão mantidas em HD e na nuvem. As sequencias dos marcadores serão inicialmente mantidos em um repositório particular, VoSeq (Voucher and DNA Sequence Web Application) (Peña & Malm, 2012). Após a publicação dos artigos, as sequências serão disponibilizadas para acesso público no Genbank, juntamente com as informações associadas aos vouchers (dados de localidade e fotografias).

---