11º FEPEG FÓRUM ENSINO • PESQUISA EXTENSÃO • GESTÃO
UNIVERSIDADE, SOCIEDADE E POLÍTICAS PÚBLICAS
ISSN: 1806-549X

VARIAÇÃO MORFOLÓGICA E MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO POTENCIAL DE CONOPOPHAGA MELANOPS.

Autores: BRUNO VIEIRA, ARIANNY SANCHES LOPES, VICTOR HIAGO CALDEIRA, RODRIGO OLIVEIRA PESSOA

- **Introdução**

Estudos envolvendo a biogeografia vicariante tem mostrado como processos históricos podem determinar a distribuição atual das espécies (Endler,1982). Um desses processos é a vicariância, onde uma população ancestral que formava um grupamento com fluxo gênico efetivo dá origem a duas populações descendentes isoladas reprodutivamente uma da outra (Mayr, 1970). Essas populações isoladas geograficamente evoluem de modo independente, e genes diferentes podem ser fixados em cada uma delas, seja por deriva genética ou por adaptação à ambientes diferentes em resposta à seleção natural.

Modelos de Distribuição de Espécies (MDE) podem ser utilizados para analisar as ações da seleção natural, por esses terem como retorno a adequabilidade do ambiente às espécies (De Marco., 2009). Os MDEs são ferramentas numéricas que combinam observações de ocorrência e estimativas ambientais (Elith et al, 2009). Assim, localidades com pressão seletiva similar irão apresentar valores de adequabilidade próximos (De Marco, 2009). Dessa forma, modelos têm sido utilizados para propósitos ecológicos e evolutivos a fim de de predizer potenciais áreas de distribuição.

Com base no que foi exposto este trabalho teve como objetivo verificar se há diferença na adequabilidade ao longo da distribuição de *C. melanops*, bem como se essas diferenças afetaram a morfologia da espécie.

Material e métodos

- *A. Local de estudo*

O estudo foi realizado na Mata Atlântica, ao longo de toda a distribuição de *Conopophaga Melanops*. Esse bioma possui um elevado grau de endemismo e biodiversidade estando as variações de latitude e altitude dentre os fatores mais relevantes (Rizzini, 1997). O clima também é um fator que se altera ao longo de sua extensão, variando de sub-úmido no nordeste a extremamente úmido no sudeste e sul (Fonseca, 1985).

- *B. Amostragem e Análise dos dados*

ISSN: 1806-549X

Foram utilizados os dados de tamanho de bico (narina), ocorrência (Pessoa, 2001; 2008) e dados moleculares (Cabanne et at. 2016) utilizados em estudos anteriores. Foram examinados um total de 197 exemplares adultos de *C. melanops* , sendo 122 machos e 75 fêmeas das seguintes coleções brasileiras: Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Museu de História Natural Melo Leitão, Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Museu Nacional do Rio de Janeiro (MNRJ), Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP) e Museu de História Natural Capão do Imbuia (MHNCI). Para cada espécime examinado foi obtida a latitude do seu local de coleta. As coordenadas geográficas das localidades foram estimadas a partir de dicionários geográficos ornitológicos ou de informações obtidas diretamente das etiquetas dos espécimes. As amostras de DNA foram extraídas individualmente em solução 0,1% de Dodecil Sulfato de Sódio,Tris-HCl 100mM (pH8.0),EDTA 10mM e 10mg/mL de proteinase K. As amplificações dos segmentos de DNA foram realizadas por PCR(*Polymerase Chain Reaction*) em 10µl que continham 0.8mM dNTPs,1µl de cada primer, 0.5U de Taq Polimerase, tampão 1x e 1µL de DNA molde.

Foi amplificada a região controladora de todos os indivíduos, obtendo fragmentos de 439 pb. Em seguida, redes de haplótipos foram geradas pelo método *median-joining* e utilizado AMOVA para verificar a estruturação das populações. Após a checagem dos 197 pontos de ocorrência foi montada uma matriz relacionando as coordenadas geográficas com a presença dos indivíduos e as variáveis ambientais, o modelo foi gerado utilizado o algoritmo MaxENT que diz respeito a entropia máxima do modelo. Após pronto o modelo foi verificado através se a adequabilidade da porção norte do rio São Francisco era significativamente diferente da porção sul.

Resultados e discussão

As análises morfológicas apontaram que não houve diferença significativa ($p>0.05$) para os tamanhos de bico (narina). Entretanto, os dados moleculares mostraram que as populações estão geneticamente estruturadas ($FST=0.83$; $p<0,001$). Também não houve diferença significativa ($p > 0,05$) entre a adequabilidade ao norte do rio em relação a porção sul (Fig. 1). Isso indica que possivelmente a pressão seletiva entre as localidades é a mesma. O resultado encontrado para o tamanho de narina corrobora com o modelo de distribuição, uma vez que ao assumir que as pressões seletivas nessas localidades são as mesmas, espera-se que a morfologia desses indivíduos seja similar (Kennedy,1984). Entretanto, a estrutura genética encontrada para a região controladora indicou que um processo vicariante separou as populações no passado (Cabanne et at. 2016). Relacionando os dados moleculares com o modelo pode-se sugerir que o processo vicariante que separou as populações no passado não alterou a adequabilidade das localidades. Assim, a estrutura genética encontrada entre populações não reflete em populações com diferenças morfológicas.

- **Conclusão**

Podemos sugerir que enquanto fatores históricos como eventos de vicariância determinaram a diferença molecular através da deriva genética, fatores ecológicos não levaram à diferenças morfológicas através da seleção. Contudo mais estudos correlacionando modelagem com variações morfométricas e genéticas são necessários para compreender como estes se relacionam com processos vicariantes.

- **Agradecimentos**

À FAPEMIG, CAPES e ao CNPq pelo apoio financeiro e à equipe do laboratório de Zoologia que contribuiu para entender e discutir os resultados obtidos nas análises.

- **Referências bibliográficas**

ISSN: 1806-549X

Gustavo S. Cabanne, Luciano Calderón, Natalia Trujillo Arias, Pamela Flores, Rodrigo O. Pessoa, Fernando M. d'Horta, Cristina Y. Miyaki. Effects of Pleistocene climate changes on species ranges and evolutionary processes in the Neotropical Atlantic Forest. Biological Journal of the Linnean Society, 2016, 119, 856–872.

De Marco Júnior, P., and M. F. Siqueira. "Como determinar a distribuição potencial de espécies sob uma abordagem conservacionista." *Megadiversidade* 5 (2009): 65-76.

Endler, John A. "Problems in distinguishing historical from ecological factors in biogeography." *American Zoologist* 22.2 (1982): 441-452

Elith, Jane, and John R. Leathwick. "Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time." *Annual review of ecology, evolution, and systematics* 40 (2009): 677-697.

Fonseca, Gustavo AB. "The vanishing brazilian atlantic forest." *Biological conservation* 34.1 (1985): 17-34.

JOHN A. ENDLER; Alternative Hypotheses in Biogeography: Introduction and Synopsis of the Symposium, *Integrative and Comparative Biology* , Volume 22, Issue 2, 1 May 1982, Pages 349–354,

Kennedy, Michael L., and Stephen L. Lindsay. "Morphologic variation in the raccoon, Procyon lotor, and its relationship to genic and environmental variation." *Journal of Mammalogy* 65.2 (1984): 195-205.

Mayr, Ernst. *Populations, species, and evolution: an abridgment of animal species and evolution*. Harvard University Press, 1970.

Rizzini, Carlos Toledo. *Tratado de fitogeografia do Brasil: aspectos ecológicos, sociológicos e florísticos*. Âmbito Cultural, 1997.

Pessoa, R.O 2008.Sistemática e Biogeografia histórica da família Conopophagidae(Aves:Passeriformes): especiação nas florestas da América do Sul.

.

-
-
-

ISSN: 1806-549X

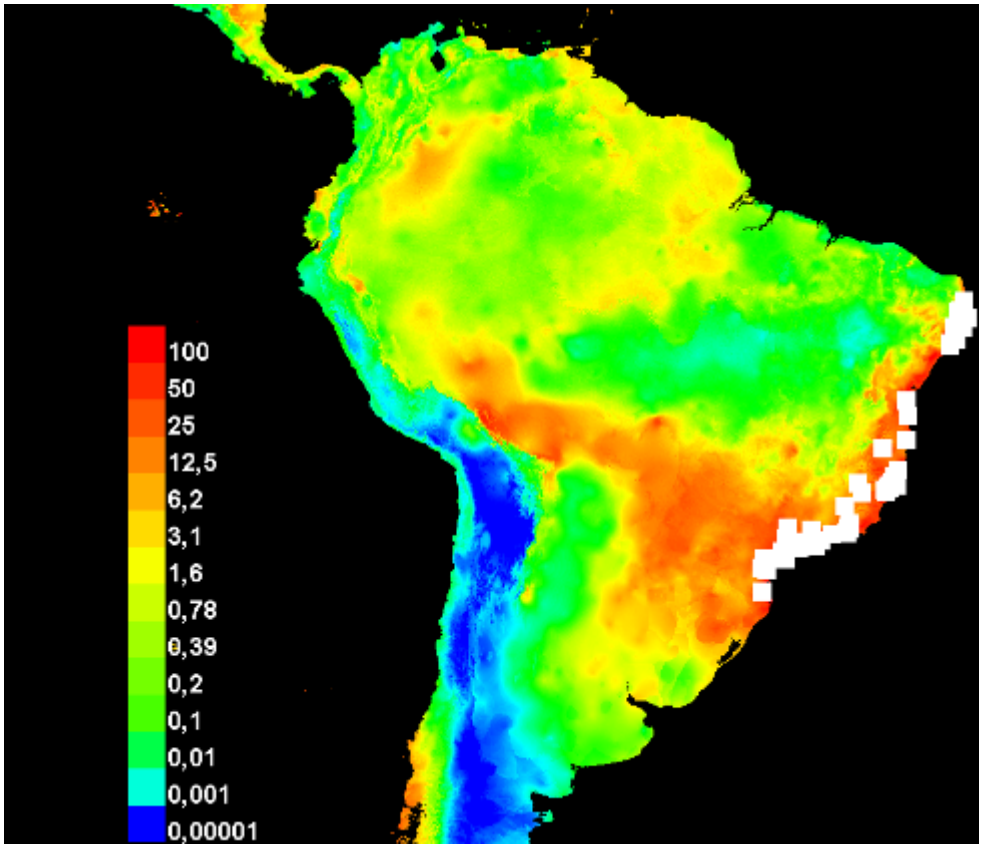

Figura 1. Modelo de Distribuição Potencial de *C. melanops*