



XIII Congresso de ECOLOGIA

III International Symposium of Ecology and Evolution

Múltiplas ecologias: evolução e diversidade

08 a 12 de outubro de 2017 • UFV - VIÇOSA | MG

VARIAÇÃO MORFOLÓGICA E MODELAGEM DE DISTRIBUIÇÃO DE ESPÉCIE DE *CONOPOPHAGA MELANOPS* (PASSERIFORMES: CONOPOPHAGIDAE)

Bruno T. V. e Silva^{1*}, Arianny S. Lopes¹, Lucas A. Evangelista¹, Rodrigo O. Pessoa¹

1. Laboratório de Zoologia, Universidade Estadual de Montes Claros – UNIMONTES, Montes Claros, Brasil; *contato para brunov.ornitologia@gmail.com

Estudos envolvendo a biogeografia vicariante vem mostrando como processos históricos podem determinar a distribuição atual das espécies. Do mesmo modo, modelagens de distribuição também tem sugerido como fatores ecológicos podem influenciar na adequabilidade das espécies à diferentes localidades. A partir disso, este trabalho procurou avaliar como fatores históricos e ecológicos podem ter influenciado na distribuição atual de *Conopophaga melanops*. Assim, buscou-se relacionar a variação morfológica e genética das populações atuais de *C. melanops* localizadas ao norte e ao sul do rio São Francisco com sua adequabilidade a esses ambientes. Para isso, foram utilizados dados de variação do tamanho da narina e região controladora do DNA mitocondrial dessas populações, gerados em estudos anteriores. Foi desenvolvido um modelo potencial de distribuição (AUC =0,996) por meio do algoritmo de Máxima Entropia através do software MaxENT. Para isso foram utilizados 197 pontos de ocorrência e 6 variáveis bioclimáticas. Não foi encontrado diferença significativa para os tamanhos de narina ($p=0,1856$). Entretanto, os dados moleculares mostraram não haver fluxo gênico entre as populações ($F_{ST}=0.09120$; $p<0,001$). Também não houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre a adequabilidade ao norte do rio em relação a porção sul. Isso indica que possivelmente a pressão seletiva entre as localidades é a mesma. Esse resultado corrobora com a ausência de variação no tamanho da narina entre as populações. Entretanto, a estrutura genética encontrada para a região controladora pode indicar que um processo vicariante separou as populações no passado. Portanto, 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.

Agradecemos a FAPEMIG pelo apoio financeiro e a todos da equipe do Laboratório de Zoologia por seu empenho e dedicação.