



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

ÁREAS DE PROVÁVEL OCORRÊNCIA PARA TRÊS ESPÉCIES DE AVES ENDÊMICAS DA MATA ATLÂNTICA NO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

Andreza Pereira de Oliveira¹, Dágela Santana Batista da Silva¹, Fábio Azevedo Khaled Abdel Rahman¹,
José Queiroz Porto Netto^{1*}, Paulo Henrique Chaves Cordeiro².

1. Departamento de Ciências Biológicas - Centro de Ciências Biológicas e da Saúde, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Gávea, Rio de Janeiro, 22451-900, Brasil.

2. Setor de Ornitologia, Departamento de Vertebrados, Museu Nacional/UF RJ, Quinta da Boa Vista, São Cristóvão, Rio de Janeiro, RJ, 20940-040, Brasil. *Corresponder a joseqpn@gmail.com

Tema/Meio de apresentação: Biogeografia/Pôster

Texto: A Mata Atlântica está entre uma das florestas mais diversas e também uma das mais ameaçadas no mundo, sendo considerada um hotspot de biodiversidade. Esse bioma apresenta aproximadamente 200 espécies endêmicas de aves, sendo exemplos de espécies endêmicas da Mata Atlântica *Cercomacra brasiliana* (Hellmayr 1905), *Dysithamnus plumbeus* (Wied, 1831) e *Jacamaralcyon tridactyla* (Vieillot, 1817). Estas espécies além de endêmicas, apresentam distribuição pouco conhecida para o estado do Rio de Janeiro. A modelagem preditiva pode ser empregada para identificar áreas de provável ocorrência de espécies, auxiliando assim na escolha de áreas para conservação. Desta forma o presente estudo tem como objetivo elaborar modelos preditivos que possam identificar áreas de possível ocorrência das espécies. Os dados usados foram obtidos por meio de bases de referência (ex: dados de museu e portais). Esses dados passaram por uma análise prévia, de modo que autocorrelação espacial, duplicatas e pontos duvidosos foram excluídos da análise final. As variáveis climáticas utilizadas no modelo foram obtidas no WorldClim, sendo selecionadas aquelas que não apresentaram correlação: ALT, PET, BIO4, BIO7, BIO12 e BIO18. Foram utilizados 86 pontos de ocorrência para *C. brasiliana*, 93 pontos para *D. plumbeus* e 58 pontos para a *J. tridactyla*. Os algoritmos utilizados foram BioClim, GLM, Maxent, Random Forest e SVM, com 10 modelos para cada. Os modelos obtiveram valores médios de AUC e TSS de 0,93 e 0,83 para *C. brasiliana*, 0,95 e 0,87 para *D. plumbeus* e 0,88 e 0,77 para *J. tridactyla*, respectivamente, indicando a alta capacidade preditiva dos modelos. Os modelos gerados indicam áreas de provável ocorrência para as espécies, servindo de base para estudos futuros e gerando subsídios para a conservação.