



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

O AUMENTO DA DISPERSÃO FILOGENÉTICA É UM PADRÃO QUE PODE SER APLICADO A CAATINGA?

Alexandre Souza de Paula¹, Maria Fabíola Barros^{1*}, Elâine Ribeiro¹, Marcelo Tabarelli¹

1. Departamento de Biociências, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 50670-901, Brasil

*Autor para correspondência: mariafabiolabarros@gmail.com

Tema/Meio de apresentação: Ecologia de Comunidades/Pôster

A motivação por trás dos estudos desenvolvidos em Ecologia permanece em buscar entender sobre os processos que atuam na estruturação das comunidades. O objetivo deste estudo foi identificar o processo ecológico atuante na organização filogenética das comunidades vegetais em processo de regeneração natural na Caatinga. Este estudo foi desenvolvido no Parque Nacional do Catimbau, Brasil. Foram analisadas 15 comunidades, com diferentes idades de abandono pelo homem (4-70 anos). Todos os indivíduos lenhosos, com diâmetro ao nível do solo > 3 cm e altura > 1 m, foram identificados até o menor nível taxonômico possível. Quatro sequências gênicas foram examinadas no GenBank para as 154 espécies de plantas encontradas: ribulose-bisphosphate carboxylase gene (rbcl), maturase K (matK), 5.8S ribossomal RNA gene e trnL-trnF intergenic spacer (trnL-F). Foram calculados dois índices de diversidade filogenética para cada comunidade: distância filogenética média (MPD) e distância filogenética para o vizinho mais próximo (MNTD). O tamanho de efeito padronizado (SES) foi calculado para MPD e MNTD, onde as medidas de diversidade originais foram padronizadas contra comunidades geradas por randomizações. Resultando em SES NRI (Índice de Relacionamento Líquido) e SES NTI (Índice de Táxon mais Próximo) para MPD e MNTD, respectivamente. Valores de NRI ou NTI > 1.96 indicam dispersão filogenética, enquanto, valores < -1.96 indicam agrupamento filogenético. Esses índices (eixo y) foram analisados via análise de regressão linear, contra idade de abandono pelo homem (eixo x). Conclui-se que a composição filogenética das comunidades em regeneração natural na Caatinga não difere do que seria esperado ao acaso. Apenas a comunidade com sete anos de abandono pelo homem apresentou agrupamento filogenético. Logo, a vegetação de Caatinga parece ser pouco influenciada pela (1) idade de abandono pelo homem e (2) muito influenciada pelas espécies colonizadoras, que se mantem dominando a paisagem de estudo, em todas as fases da regeneração natural.

Os autores gostariam de agradecer ao PELD Catimbau e aos órgãos de fomento FACEPE e Cnpq.