



Anais do
**Encontro Alagoano
de Evolução**

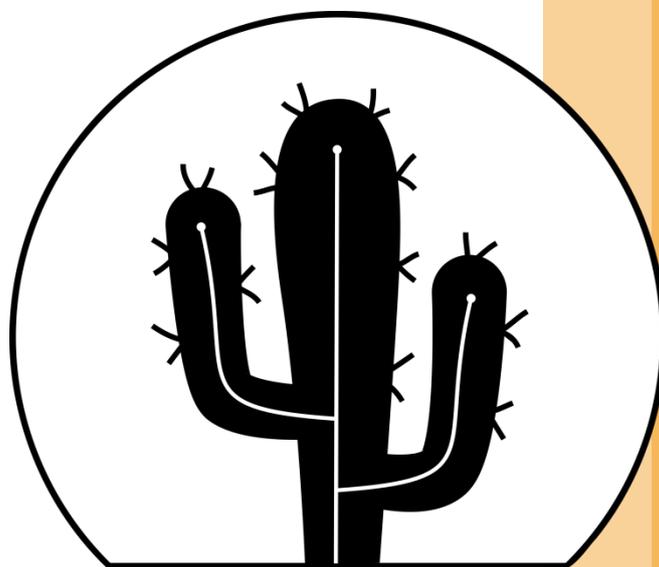
09, 10 e 11 de novembro de 2016
Maceió - Alagoas - Brasil





∞ ANAIS ∞

Encontro Alagoano de Evolução



Grupo de Estudos Sobre Evolução Biológica

1ª edição

Maceió – AL
2016

Catálogo na fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Central
Divisão de Tratamento Técnico

Bibliotecária Responsável: Helena Cristina Pimentel do Vale

Encontro Alagoano de Evolução : Grupo de Estudos Sobre Evolução Biológica
(1 : 2017 : Maceió)

Livro de resumos do I Encontro Alagoano de Evolução : Grupo de Estudos Sobre Evolução Biológica, 9 a 11/ 2016 / [Organizador] Maxwell Morais de Lima Filho ... [et al.]. – Maceió : Museu de História Natural da Universidade Federal de Alagoas, 2016.

50 p. :il.

Inclui bibliografia.

1. Biologia – Congressos. 2. Ciência. 3. Educação. I. Lima Filho, Maxwell Morais de. II. Universidade Federal de Alagoas.

CDU: 57(06)



Copyright © dos autores, 2016



Encontro Alagoano de Evolução

Museu de História Natural da Universidade Federal de Alagoas

09 a 11 de novembro de 2016

Maceió – Alagoas - Brasil

Comissão Organizadora

Maxwell Moraes de Lima Filho

Arthur Barbosa Andrade

Cauay Vianna Gazele

Gabriela Miki Kuwai

Gracielle Teixeira Higinio

Hermínio Alfredo Leite Silva Vilela

Leonardo Silva

Lucas Serafim da Silva Lins

Myrna Elis Ferreira Santos

Tainá Karoline Guedes

Comissão Científica

Ana Cláudia Mendes Malhado

Cauay Vianna Gazele

Danielle Machado Pagani

Gracielle Teixeira Higinio

Equipe de Apoio

Álvaro Silva

Eduardo Antônio De Lucena Lisboa

Genisson Panta da Silva

Júlia Dantas Ferreira de Moraes

Fotografia

Arthur Barbosa Andrade

Igor Lucas Ferreira Santos

Logotipo

Gracielle Teixeira Higinio

Website

eae2016.wixsite.com/eae2016/



Patrocínio



Apoio





Programação

	Quarta 09.11	Quinta 10.11	Sexta 11.11
08h00 - 09h00	Minicursos		Palestra VII
09h00 - 10h00			Palestra VIII
10h00 - 11h00	Cerimônia de Abertura	Minicursos	Apresentação de banners
11h00 - 12h00	Palestra I		Palestra IX
12h00 - 13h30	Almoço		
13h30 - 14h30	Palestra II	Palestra V	Palestra X
14h30 - 15h30	Palestra III	Palestra VI	Palestra XI
15h30 - 16h00	Coffee Break		
16h00 - 17h00	Palestra IV	Mesa Redonda	Palestra XII



Sumário

APRESENTAÇÃO	9
PALESTRAS E MESA REDONDA	11
1. Ensino de Evolução e formação para ação sócio-política: perspectivas e enfrentamentos em tempos de Escola sem Partido e “Não tema, resista”	12
2. Evolução e Conservação	12
3. Prospecção de fatores de virulência e determinantes de patogenicidade em genomas de fungos	12
4. Unicórnios, teletransporte e evolução: conservação filogenética de nicho	13
5. Introdução à Filogeografia	13
6. Evolução Humana e a História dos Impactos Antrópicos	14
7. Mesa Redonda – Divulgação Científica	14
8. Evolução e Domesticação: o ser humano domesticou ou foi domesticado?	14
9. Vírus e Evolução, uma leve abordagem	15
10. Genética e Evolução	16
11. Diversidade e Evolução de Insetos	17
12. Vida: Uma biografia não autorizada	17
MINICURSOS	18
1. Uma Introdução ao Naturalismo Biológico de John Searle	19
2. Criatividade no Ensino de Evolução	19
3. Evolução, que peste é isso?	30
RESUMOS	21
Citocromo Mitocondrial B (Cyt-b) e a respiração dos corais	22
Evolução Biológica: o que os alunos de Ciências Biológicas da UNILAB entendem sobre?	25
Descrição e identificação preliminar de dentes fósseis de tubarões da Formação Calumbi (Neocretáceo) de Sergipe	27
Processos de radiação adaptativa e diversificação explosiva atuam nas diferentes linhagens da megadiversa superfamília Octodontoidea (Rodentia)	29
Modelagem de disponibilidade de habitat como subsídio para identificação de fósseis pleistocênicos	31
Manipulação comportamental induzida por fungos: um exemplo de evolução biológica conjunta	33
Evolucionismo: a polêmica teoria de Darwin e a posição da Igreja Católica	35
Processos neutros dirigem a diversificação morfológica no gênero <i>Caranx</i> (Pisces, Carangidae)	37



Manipulação comportamental induzida pelo parasitoide <i>Zatypota</i> sp. (Hymenoptera: Ichneumonidae) em <i>Dubiaranea</i> sp. (Araneae: Linyphiidae)	39
Evidências de radiação adaptativa na infraordem Delphinida (Cetacea, Mammalia)	41
Estudos em Evolução vs. Filo Cnidaria: panorama dos últimos 5 anos (2010 – 2015) no Nordeste do Brasil	43
Datando a origem evolutiva de peixes mojarra (Actinopterygii: Gerreidae): um paradoxo filogenético dentro da ordem dos perciformes.....	45
Evidências ecológica, genômica e paleontológica suportam a hipótese de radiação adaptativa nos canídeos (Carnivora).....	47
Maxent como ferramenta para modelagem de distribuição espacial de espécies fósseis: validação a partir da ocorrência de espécies atuais com registros pleistocênicos	49



Apresentação

Há alguns anos venho me beneficiando da rica troca de experiências com os alunos da disciplina de Filosofia da Ciência que ministro para o 1º período do Curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Alagoas (UFAL). Dentre os assuntos abordados, nunca deixamos de enfatizar o mais fundamental para a formação acadêmica desses estudantes: a Evolução Biológica. Para a minha grata surpresa, a interação amistosa e os frutíferos debates teóricos se expandiram para além da sala de aula, atraindo a atenção de discentes veteranos da Graduação e da Pós-Graduação, os quais não haviam sido meus alunos.

Foi nesse contexto que alguns acadêmicos do Curso de Ciências Biológicas e eu unimos esforços para criar o **Grupo de Estudos sobre Evolução Biológica (GESEB)**, no início de 2015. Além de promover discussões periódicas e aprofundadas sobre Evolução Biológica, em particular, e Ciência, no geral, o GESEB está comprometido com a divulgação científica através das redes sociais, com a oferta sistemática de Atividades (Cursos de Nivelamento de Calouros, Ciclo de Palestras, Comemoração de Efemérides etc.) e com a formação continuada dos profissionais de ensino, especialmente, dos professores de Ciências e Biologia.

O envolvimento e a aceitação de um número cada vez maior de membros nas reuniões do GESEB nos estimularam a idealizar e a propor, com apenas um ano de atividades do Grupo, o **Primeiro Encontro Alagoano de Evolução (I EAE)**. Tínhamos consciência de que a proposta era ousada e de que o caminho seria árduo, haja vista a grave crise nacional pela qual passávamos e o severo corte de verbas imposto à Universidade Brasileira, não sendo a UFAL exceção. No entanto, para a nossa felicidade, o projeto do Encontro foi aprovado e patrocinado por uma das mais influentes e renomadas sociedades acadêmicas da área, a *European Society of Evolutionary Biology*, recebendo, ainda, os imprescindíveis apoios institucionais do **Instituto de Ciências Biológicas e da Saúde** e do **Museu de História Natural** da UFAL. Além dessas importantes parcerias, contamos com os valiosos auxílios do Instituto do Meio Ambiente de Alagoas, da Companhia de Saneamento de Alagoas, da Editora da Universidade Federal de Alagoas e da RGB Soluções Gráficas.

Muito nos honrou a oportunidade de realizar o I EAE no Museu de História Natural, instituição que tão bem representa a excelência na pesquisa e na divulgação científica em Alagoas. O Encontro ocorreu entre os dias 9 e 11 de novembro de 2016, contando com o envolvimento de aproximadamente cem pessoas nas distintas atividades, tais como Palestras,



Mesa-Redonda, Minicursos e Apresentações de Trabalho (Banners), nas quais foram abordados aspectos educacionais, históricos e filosóficos da Evolução Biológica.

A diversidade de origem dos pesquisadores demonstra a abrangência e riqueza acadêmica do Encontro, no qual estiveram presentes estudiosos provenientes dos estados do Rio de Janeiro, Bahia, Sergipe, Pernambuco, Ceará e Alagoas, representando as seguintes instituições: Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Universidade Federal de Sergipe (UFS), Universidade Federal de Pernambuco (UFPE – Recife e Vitória de Santo Antão), Universidade de Pernambuco (UPE), Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB), Centro Universitário CESMAC, Universidade Estadual de Alagoas (UNEAL – Arapiraca e Palmeira dos Índios), Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Alagoas (IFAL – Marechal Deodoro) e Universidade Federal de Alagoas (UFAL – Maceió, Arapiraca e Penedo).

Ademais, a manifestação de aprovação dos participantes acerca das atividades referentes ao Ensino e à Divulgação Científica da Biologia Evolutiva, destaque especialmente a dos professores e estudantes do Ensino Médio, ilustra a importância de a Universidade continuar se aproximando da comunidade externa, visando contribuir para o enriquecimento e difusão dos debates acerca da Evolução Biológica na sociedade alagoana e, por consequência, brasileira. Como esta área consiste no eixo unificador das Ciências Biológicas, a tônica dos três dias do Encontro foram atividades interdisciplinares que abarcavam do Ensino, História e Filosofia da Biologia à Ecologia, Genética e Sistemática, passando pela Paleontologia, Microbiologia, Zoologia e Antropologia.

As breves palavras supracitadas justificam, enfim, o meu agradecimento nominal a cada um dos membros da qualificada, organizada e persistente equipe que tornou possível a concretização desse evento pioneiro no Estado de Alagoas. Muito obrigado, Gracielle Higino, Lucas Lins, Cauay Gazele, Hermínio Vilela, Tainá Guedes, Gabriela Kuwai, Myrna Santos, Arthur Andrade, Igor Santos, Júlia Dantas, Álvaro dos Santos, Genisson Silva, Eduardo Lisboa e Leonardo Silva.

Como dizia um antigo compositor cearense, o novo sempre vem. Nos vemos no **II Encontro Alagoano de Evolução!**

Maxwell Morais de Lima Filho

Coordenador do Grupo de Estudos sobre Evolução Biológica (GESEB)
e do I Encontro Alagoano de Evolução (EAE)



Palestras e Mesa Redonda





1. Ensino de Evolução e formação para ação sócio-política: perspectivas e enfrentamentos em tempos de Escola sem Partido e “Não tema, resista”

Palestrante: Dra. Claudia Sepulveda

Discutiremos como o ensino de evolução pode contribuir na formação para ação sócio-política por duas vias: (1) o exame de questões sócio-científicas que demandem o conhecimento evolutivo em sua resolução e tomada de decisão socialmente responsável – a exemplo do manejo de pragas agrícolas ou medidas de conservação da biodiversidade; e (2) a análise do envolvimento histórico do pensamento darwinista com processos de alterização de gênero e raça como plataforma para identificar e enfrentar discursos e práticas sexistas e racistas contemporâneos. Por fim, buscaremos, junto a plateia, a difícil tarefa de avaliar as implicações das medidas do governo ilegítimo Temer e do discurso do Escola Sem Partido no ensino de evolução, de um lado, e o papel que o ensino de evolução pode cumprir no enfrentamento das implicações sociais destas medidas, práticas e discursos.

2. Evolução e Conservação

Palestrante: Dr. Richard Ladle

O principal objetivo da conservação é proteger as espécies e paisagens de mudanças ambientais induzidas pelo homem. As principais ameaças vêm de perda e degradação de habitat (por exemplo, a poluição), a exploração insustentável, espécies invasoras e mudanças climáticas. Muitas espécies têm sido levados à extinção por estas ameaças. No entanto, algumas espécies têm sido capazes de se adaptar a ambientes antropogênicos, criando novas formas de vida que são mais tolerantes de alterações humanas para o ambiente.

3. Prospecção de fatores de virulência e determinantes de patogenicidade em genomas de fungos

Palestrante: Dr. Leonardo Broetto

A área da genética de micro-organismos tem experimentado mudanças dramáticas, com uma quantidade muito grande de genomas tornando-se disponíveis devido ao rápido avanço tecnológico e ao declínio dos custos de sequenciamento de nova geração. A relativa facilidade com que os genomas são gerados atualmente, possibilita novas oportunidades



para estimar relações taxonômicas, descobrir novos táxons, descobrir e comparar fatores de virulência e determinantes de patogenicidade entre muitas outras características. A disponibilidade de genomas completos para um grande número de fungos abre um novo nicho de investigação, permitindo descobertas fascinantes a respeito de muitos aspectos da biologia desse micro-organismo.

4. Unicórnios, teletransporte e evolução: conservação filogenética de nicho

Palestrante: Dr. Marcos Vinícius Carneiro Vital

Todos sabem que o tamanho do chifre de um unicórnio está relacionado à sua capacidade de teletransporte, certo? Mas será que cada espécie de unicórnio é uma réplica independente? Ou estamos diante de pseudoréplicas de um chifre só?! Nesta palestra, vamos conversar sobre o conceito de inércia filogenética, discutir como podemos lidar com isto de um ponto de vista prático e relacionar tudo com a evolução do nicho ecológico das espécies. Os unicórnios são apenas um exemplo divertido, mas as questões por trás são bastante reais, e importam para qualquer um interessado em compreender a ecologia de espécies reais.

5. Introdução à Filogeografia

Palestrante: Me. Rodolfo Leandro do Nascimento Silva

A Filogeografia foi concebida em 1987 para denominar e concatenar um campo da ciência concentrado nos princípios e processos que regem a distribuição geográfica das linhagens genéticas entre populações e entre espécies intimamente relacionadas. Atualmente a Filogeografia conta com um panorama analítico capaz de formar uma ponte entre processos microevolutivos que atuam dentro das populações e padrões macroevolutivos atuando em grandes escalas de tempo e espaço. Será fornecida base conceitual inicial, análises e exemplos que permitam ao ouvinte conhecer e entender alguns desses processos e de que forma estão integrados.



6. Evolução Humana e a História dos Impactos Antrópicos

Palestrante: Dr. Robson Guimarães Santos

Nesta palestra será contada, de maneira breve, a história evolutiva dos seres humanos. Será apresentada a evolução de algumas importantes características físicas e comportamentais, como o bipedalismo, um cérebro grande e complexo, a linguagem e a expressão simbólica e cultural. Após a primeira parte da palestra, continuaremos contando a história dos seres humanos até os dias atuais, mas desta vez focando no progressivo aumento dos impactos antrópicos ao longo de nossa história.

14

7. Mesa Redonda

Palestrantes: Dra. Aline Ghilardi e Me. Gracielle Higino

Mediadora: Shirley Nascimento

Nesta mesa redonda debateremos o papel da divulgação científica na sociedade e as principais dificuldades que os cientistas enfrentem para realizar esta atividade. Será que a divulgação científica é mesmo necessária? Quais as ferramentas que podemos utilizar nesta atividade? Esta é uma guerra em que precisamos atacar a partir de diversas frentes.

8. Evolução e domesticação: o ser humano domesticou ou foi domesticado?

Palestrante: Mayana de Castro

Um passo importante na história da evolução humana foi a domesticação do fogo. Os humanos agora tinham uma fonte de luz e de calor e uma arma letal contra os predadores à espreita. O fogo também abriu a primeira brecha significativa entre o homem e os outros animais. O poder de quase todos os animais depende de seu corpo. Ao domesticar o fogo, os humanos ganharam controle de uma força inesgotável. Além disso, o fogo possibilitou o hábito de cozinhar. Durante praticamente toda a história da nossa espécie, os *Homo sapiens* viveram como caçadores-coletores. Alimentavam-se coletando plantas e caçando animais que viviam e procriavam sem sua intervenção. Isso mudou há cerca de 10 mil anos, quando começaram a aprender a manipular, de forma mais complexa, os recursos que a natureza lhes proporcionava. De caçadores e coletores passaram a criar animais e a praticar a agricultura.



9. Vírus e Evolução, uma leve abordagem

Palestrante: Ithallo Sathio Bessoni Tanabe

A definição de vírus está bem delimitada, mas tratá-los apenas como acelulares e parasitas intracelulares obrigatórios, de certo modo ainda é um tanto quanto injusto. Ainda que a maior parte dos vírus conhecidos estejam relacionados negativamente aos humanos, estes podem ter desempenhado papéis cruciais na evolução, desde atuando na origem do DNA, na emergência das células eucarióticas, e/ou ainda, como causa da separação dos organismos biológicos nos três Domínios. Mas e os vírus são vivos? Jean-Michel Claverie da universidade Aix-Marseille na França, propõe que o verdadeiro vírus seria a célula viral ou viroplasma, enquanto que o vírion seria apenas o veículo para disseminação célula-célula. O sistema de classificação de organismos empregado atualmente utiliza rRNA, porém, os vírus não o possuem, sendo a utilização das proteínas do capsídeo uma alternativa. Para corroborar esta ideia, foi descrita uma estrutura que está nas proteínas de capsídeo dos vírus de DNAfd que infectam os três domínios, e tal proteína não está presente em proteínas celulares. Franceses como Jean-Michel, dois pesquisadores, Didier Raoult e Patrick Forterre, em 2008, propuseram um “novo” sistema de classificação de organismos, baseado em “organismos codificadores de ribossomos” e “organismos codificadores de capsídeo”, organizando o clado viral de acordo com a célula que este infecte. Um aspecto intrigante quanto ao questionamento se os vírus teriam atuado como peças centrais na evolução, consiste que aproximadamente 9% do genoma humano seja formado por fragmentos genéticos virais decorrente de infecções destes ao longo da evolução humana. Tal percentual é maior que o de genes funcionais existentes em nosso genoma (4% a 5%) e esses fragmentos já foram identificados em muitas espécies de vertebrados, compondo fração significativa do genoma total desses hospedeiros. E quanto a origem dos vírus? De forma bem resumida e simplória, temos 3 hipóteses alocadas em duas correntes: Cell-first e Virus-first. Uma corrente sustenta a ideia que as células se originam primeiro, seja pela argumentação que elementos genéticos móveis ganharam a capacidade de sair de uma célula e entrar em outra, semelhante aos retrotransposons (hipótese progressiva) ou pela hipótese regressiva, onde Vírus existentes podem ter evoluído de organismos mais complexos, possivelmente de vida livre, que perderam a informação genética ao longo do tempo, uma vez que adotaram uma forma “parasitária” para a replicação. Enquanto que a outra corrente, pressupõe que os vírus antecederam ou co-evoluíram com seus hospedeiros celulares atuais. Talvez os vírus podem ter sido as



primeiras unidades auto-replicantes em um mundo pré-celular. Ao longo do tempo, essas unidades, se tornaram mais organizadas e mais complexas. Eventualmente, as enzimas para a síntese de membranas e paredes celulares evoluíram, resultando na formação de células. Os vírus, então, podem ter existido antes de bactérias, arqueas ou eucariota. Quiçá, simples moléculas de RNA replicantes, existentes antes da primeira célula formada, desenvolveram a capacidade de infectar as primeiras células. Obter uma resposta para a origem dos vírus não é uma tarefa fácil, só para constar, a hipótese de vírus-first possui aproximadamente 5 variações e todas bastante plausíveis! Mas enfim, qual hipótese ou corrente é a correta? Pode-se argumentar de forma bastante convincente que certos vírus, como os retrovírus, surgiram através de um processo progressivo; Elementos genéticos móveis ganharam a capacidade de viajar entre as células, tornando-se agentes infecciosos; Pode-se também argumentar que os grandes vírus de DNA surgiram através de um processo regressivo pelo qual as entidades independentes perderam genes-chave ao longo do tempo e adotaram uma estratégia de replicação parasitária; Ou os vírus de hoje surgiram várias vezes, através de múltiplos mecanismos, ou simplesmente, pode ser que nenhuma hipótese esteja correta, talvez todos os vírus surgiram através de um mecanismo ainda a ser descoberto.

10. Genética e Evolução

Palestrante: Me. Moezio de Vasconcellos Costa Santos Filho

Foi discutida a abordagem de novas ideias sobre a teoria da evolução e a origem da vida com especial referência à genética evolutiva e suas consequências sobre o desenvolvimento da espécie humana. As mutações são a chave para a evolução biológica. Como a maioria dos processos evolutivos possui relações com as alterações genéticas por influência do meio, por processos aleatórios e por falhas na reparação do DNA? Qual a importância destes fatores na expressão do fenótipo? Como a constituição genética pode influenciar no padrão comportamental dos indivíduos?



11. Diversidade e Evolução de Insetos

Palestrante: Dr. Maurício Lima

Os insetos são considerados o maior grupo animal atualmente, ultrapassando em muito outros grupos existentes, no entanto isso só é possível dada a sua capacidade de adaptação a ambientes que para outros animais seria impossível a manutenção da vida. Essa capacidade adaptativa só foi possível graças a evolução que ocorreu nesse grupo, atualmente vemos insetos ocupando desde ambientes quase inóspitos como os desertos ou regiões frias como os polos. No entanto a grande diversidade de insetos é observada na região neotropical onde está inserido o Brasil, o que caracteriza a grande quantidade e diversidade que ocorre em nosso país.

12. Vida: uma biografia não autorizada

Palestrante: Dra. Aline M. Ghilardi

Nesta palestra o ouvinte é convidado a viajar no tempo profundo e conhecer a história da vida no planeta Terra.



Minicursos





1. Uma Introdução ao Naturalismo Biológico de John Searle

Ministrante: Me. Maxwell Morais de Lima Filho

O objetivo principal deste Minicurso é apresentar de modo introdutório o naturalismo biológico de John Searle. Para tanto, apresentarei uma visão panorâmica das principais teorias de Filosofia da Mente e uma exposição das teses que compõem o naturalismo biológico, com o intuito de comparar este com aquelas. O próprio Searle resiste em rotular o naturalismo biológico, já que, segundo ele, todas as teorias da tradição em Filosofia da Mente partem de um pressuposto equivocado, a saber, o dualismo conceitual, segundo o qual há uma exclusão mútua entre as categorias física e mental: o físico é não mental, e o mental é não físico. Para Searle, fenômenos mentais são biológicos e, portanto, são físicos. No entanto, isso não significa que há uma redução ontológica do mental ao físico, pois existe uma distinção ontológica entre esses dois níveis – ontologia de primeira pessoa e ontologia de terceira pessoa, respectivamente. O problema é que com tal distinção ontológica, Searle acaba por criar um novo tipo de dualismo, que em vez de contrapor o físico ao mental, contrapõe o objetivo (ontologia de terceira pessoa) ao subjetivo (ontologia de primeira pessoa). Argumentarei que por defender o fisicalismo ontológico e, ao mesmo tempo, endossar que os eventos mentais são reais, causalmente eficazes e ontologicamente irreduzíveis, a concepção de Searle converge em muitos pontos com o fisicalismo não-redutivo e com o dualismo de propriedade.

2. Criatividade no Ensino de Evolução

Ministrantes: Cauay Vianna e Gabriela Kuwai

Já pensou em dar uma explicação científica sem fazer a outra pessoa dormir? E ensinar evolução e genética de forma mais lúdica? Esse minicurso tem como proposta auxiliar didaticamente pessoas com interesse no ensino de ciências, mais especificamente, no ensino de evolução. Serão construídos e apresentados jogos e modelos didáticos de baixo custo que podem ajudar a explicar conceitos evolutivos e/ou de genética. Aprenda a ensinar divertindo!



3. Evolução, que peste é isso?

Ministrantes: Gracielle Higino e Lucas Serafim

A evolução é um mistério para você? Neste curso aprenderemos os conceitos básicos para entender evolução e seus mecanismos. O que é evolução? Como a evolução funciona? O que precisamos saber para entender os processos evolutivos que deram origem à diversidade biológica que vemos hoje? Um curso sobre o maior espetáculo da Terra!



Resumos





Citocromo Mitocondrial B (Cyt-b) e a Respiração dos Corais

Bruno Michael da Silva Pereira^{1*} e Mayara de Farias²

¹Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos, Universidade Federal de Alagoas, Maceió – Alagoas; Laboratório de Ecologia Quantitativa; Setor de Comunidades Bentônicas (ICBS/UFAL).

⁴Escola José Aprígio da Silva, Craíbas - Alagoas.

*brnmichael1@gmail.com

Os corais possuem respiração por difusão direta, sendo assim apresentam adaptações que permitem que suas células acessem o oxigênio presente na água do mar [1]. O citocromo mitocondrial b (cyt-b) exerce uma importante função para a respiração desses organismos, pois estão diretamente relacionados com a produção de energia em forma de ATP e o auxílio na respiração celular [2]. Ademais, por apresentar regiões pouco variáveis, com uma taxa de modificação muito baixa, o cyt-b torna-se, ainda, uma importante ferramenta para estabelecer relações filogenéticas entre espécies [2]. Nesse sentido, este trabalho objetivou analisar se as semelhanças gênicas das sequências de aminoácidos presentes nos citocromos mitocondriais b estariam relacionadas com as espécies de corais em profundidades distintas.

Para responder tal pergunta foram selecionadas sequências do gene citocromo mitocondrial b de 13 espécies distintas de corais no NCBI (National Center of Biotechnology Information), espécies essas que estão presentes em toda a costa do Brasil e suas ocorrências, em relação a profundidade, com dados obtidos na IUCN (International Union for Conservation of Nature) e na EOL (Encyclopedia of Life). Os resultados das sequências foram alinhados e analisados para testar se essas espécies eram próximas geneticamente e o quanto a profundidade estava relacionada com essa proximidade, utilizando 4 métodos filogenéticos, sendo eles: *Neighbor Joining* (NJ), Máxima Parcimônia (MP), Máxima Verossimilhança (MV) e Análise Bayesiana (AB) utilizando o PAUP e o aplicativo MB.

Utilizando o método de NJ, optou-se por enraizar o cladograma em *Zoanthus* sp, devido a essa espécie ser a única a estar na zona de batimento de onda, sendo assim em condições diferentes das demais, pôde-se observar com esse método a formação de dois grupos, separando *Porites astreoides*, *Acropora cervicornis*, *Agaricia humilis* e *Siderastrea stellata* organismos que podem ser encontrados em profundidades de até 40 metros) das demais espécies. O mesmo grupo foi encontrado quando utilizado o método da MP, e como o método propõe analisar o que varia entre as sequências, foi possível observar a formação de um outro grupo mais bem definido composto pelas espécies *Mussismilia braziliensis*, *Mussismilia harttii*, *Mussismilia hispida* e a *Favia leptophylla*, espécies que apresentam



ocorrência bem similares em relação ao ambiente e a profundidade em que vivem. Apesar do método apenas refletir o menor número de mudanças de nucleotídeos, este resultado corrobora com os dados obtidos pelo método de NJ, quanto a formação dos grupos em relação a maior e menor profundidade.

No método da MV, utilizado com o modelo HKY85 ($\alpha = 0,33$), foi possível observar a probabilidade da formação dos grupos com o método de MV, de acordo com as mudanças descritas acima e dentre eles 99% dos 1000 testes realizados, o grupo que conteve as espécies que vivem em maior profundidade esteve junto, e apenas 64% das vezes o grupo que vive em menor profundidade, talvez pela influência das outras espécies que possuem uma maior plasticidade adaptativa quanto a profundidade no caso das *Montastraea cavernosa* e *Meandrina braziliensis* e uma possível tendência de formação de um novo grupo que vivem em profundidades ainda maiores, como no caso da própria *M. cavernosa* e a *Scolymia cubensis*.

Utilizando a AB os resultados obtidos na representação da árvore pode-se comprovar a hipótese de que iriam se formar grupos relacionados a profundidade, uma vez que, em aproximadamente 55% das randomizações realizadas pelo método houve a separação de dois grupo bem definidos o primeiro composto por *A. humilis*, *S. stellata*, *A. cervicornis* e *P. astreoides* dos quais a profundidade média das ocorrências dessas espécie está em até 14 m. Um segundo grupo formado por *M. braziliensis*, *M. harttii*, *M. hispida* e *F. leptophylla*, grupo com ocorrências registradas para menores profundidades, 1-10 metros de profundidade, com ocorrência média entre 1 e 3 metros, resultado confirmado em todos os métodos. Já as espécies *M. braziliensis*, *M. cavernosa* e *S. cubensis* que possuem ocorrência em maiores profundidades (10 – 70 metros), tenderam a estar juntas, mas não houve dados suficientes para a confirmação de uma característica inerente a formação de um novo grupo.

Com os dados utilizando e os resultados obtidos pelas análises é possível sugerir que o gene citocromo mitocondrial b estabelece relação filogenética na adaptabilidade de corais para ocorrerem em maiores ou menores profundidades, mostrando variação daqueles que apresentam maior plasticidade adaptativa. Contudo, não se exclui que o cyt-b seja responsável por outras relações adaptativas entre estas espécies, apesar de ter respondido de forma satisfatória à pergunta em questão, que foi validada pela literatura especializada.



Referências

[1] G.J. Brusca e R.C. Brusca, *Invertebrados*. 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara-Koogan, 2007.

[2] M.J.H. van Oppen et al., Atypically low rate of cytochrome b evolution in the scleractinian coral genus *Acropora*. *Proceedings of the Royal Society of London B*, (1999) 266:179-183.

[3] Agradecimentos especiais à CAPES pela bolsa de estudo ao mestrando Bruno Michael da S. Pereira.



Evolução Biológica: o que os alunos de Ciências Biológicas da UNILAB entendem sobre?

Edilane Maria de Lima Eduardo^{1*}, Lysa Bianca de Sousa Castro², Thays Letícia da Silva Estevão³, Brenda Kelly Souza Santiago⁴, Jobber Fernando Sobczak⁵

1 Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza, e-mail: edilanelima785@gmail.com*

2 Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza, e-mail: lysacastros@gmail.com

3 Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza, e-mail: thaysilvatls@gmail.com

4 Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza, e-mail: brendasantiagouni@gmail.com

5 Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza, e-mail: jobczak@unilab.edu.br

25

INTRODUÇÃO

A Teoria da Evolução é a teoria mais aceita entre os cientistas para explicar as mudanças ocorridas nas espécies ao longo do tempo, onde contra fatos não há argumentos. Bizzo (1994) constatou que os estudantes apresentam pouco entendimento de conceitos associados à evolução. Segundo este autor, os estudantes compreendem a evolução como sinônimo de progresso e/ou melhora, que a competição associada aos processos seletivos se restringe à pura violência e que a adaptação é um mecanismo que ocorre somente durante o ciclo vital de um organismo. Em relação à espécie humana, os alunos consideram o homem como o ápice da evolução [1]. Trabalhos desenvolvidos com professores no Brasil, também mostram que suas concepções evolutivas não refletem as ideias científicas atualmente aceitas [2]. Partindo desse contexto, surge a preocupação sobre como os conceitos de evolução biológica são compreendidos por estudantes de licenciatura da área de Ciências Naturais e como estes conceitos serão repassados aos seus futuros alunos. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo conhecer as percepções dos alunos do curso de licenciatura em Ciências Biológicas da UNILAB sobre evolução biológica antes de cursarem a disciplina de evolução. Esta pesquisa é importante para observar se estas concepções interferem nos processos de ensino e aprendizagem no que diz respeito aos conceitos de evolução biológica.

METODOLOGIA

Esta pesquisa possui caráter quali-quantitativo, onde 50 alunos participaram respondendo a um questionário elaborado a fim de saber o que os mesmos entendem por evolução biológica e até mesmo a importância que eles atribuem ao estudo de evolução para o currículo dos alunos de Ciências Biológicas. O questionário que continha três perguntas,



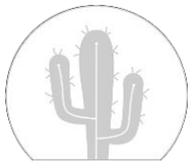
sendo elas objetivas e subjetivas, foi aplicado aos alunos do 1º e do 3º semestre do curso de licenciatura em Ciências Biológicas da unidade acadêmica dos Palmares, Acarape-CE. Vale ressaltar que os participantes foram avaliados apenas com base nos seus conhecimentos empíricos sobre evolução biológica, tendo em vista que estes ainda não cursaram a disciplina de evolução.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

Após a análise das respostas dos 50 alunos entrevistados, foi possível observar que as percepções sobre Evolução Biológica se apresentaram equivocadas quando comparadas às definições científicas aceitas atualmente. A segunda pergunta do questionário obteve um considerável índice de acertos, onde 64% dos alunos entrevistados entendiam que não existem, entre as espécies existentes, seres mais evoluídos do que outros. A última questão abordava a importância da evolução no currículo dos alunos de licenciatura em Ciências Biológicas, onde apenas 4% dos 50 alunos responderam que a disciplina não é necessária para a formação de um professor de Ciências ou Biologia, o que pode ser resultado da não aceitação da veracidade desta teoria por motivos variados, como por exemplo, influência cultural ou religiosa. **CONCLUSÃO** Concluiu-se que, apesar de ainda não terem cursado a disciplina de evolução, a maioria dos alunos entrevistados compreende os conceitos básicos sobre evolução biológica. Muitos ainda não entendem que a evolução é uma teoria fundamentada em evidências científicas que tenta explicar como os processos evolutivos ocorrem. Diante disto, é importante que estes alunos, como futuros professores de Ciências e Biologia, que serão responsáveis por repassar conhecimentos sobre evolução e origem da vida, estejam convictos de suas concepções e que qualquer ideia errônea pode se tornar um obstáculo na compreensão dos conceitos evolutivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] BIZZO, Nelio Marco Vincenzo. From Down House Landlord to Brazilian High School Students: What Has Happened to Evolutionary Knowledge on the Way? *Journal of Research in Science Teaching*, v. 31, n. 5, p. 537-536. 1994.
- [2] OLEQUES, L.C.; SANTOS, M. L. B.; BOER, N. Evolução biológica: percepções de professores de biologia. *Revista Electrónica de Enseñanza de las Ciencias*, v. 15, n. 2, p. 243- 263, 2011.



Prêmio de 3º Melhor Pôster

Descrição e Identificação Preliminar De Dentes Fósseis De Tubarões da Formação Calumbi (Neocretáceo) De Sergipe

Elisa Cravo Fernandes^{1*}, Kelvin de Albuquerque Ramos¹, Alexandre Liparini¹

¹Universidade Federal de Sergipe

*elisa_cravo@yahoo.com.br

27

O período Cretáceo foi marcado por mudanças na disposição dos continentes e consequente formação de diversas bacias sedimentares, entre elas a Bacia Sergipe-Alagoas, situada no nordeste brasileiro. Esta bacia é considerada a bacia mais completa da região, por preservar registros de todas as suas fases de formação[1]. A Formação Calumbi é uma das formações mais recentes desta bacia, tendo sido formada no último estágio evolutivo, há aproximadamente 70 milhões de anos, após um evento de regressão, seguido por uma transgressão e posterior afogamento da bacia [1]. É também no Cretáceo que ocorre a diversificação de tubarões neosseláquios, grupo de tubarões modernos mais rico. Deste, são reconhecidas três subdivisões atuais, os Galeomorphii, Squalomorphii e Batoidea, que ocupam desde o início do Cretáceo os mais diferentes habitats e nichos ecológicos. Esse trabalho teve como objetivo determinar a diversidade relativa dos tubarões presentes no afloramento Calumbi 1 (Neocretáceo), da Bacia Sergipe-Alagoas, que se destaca pelo seu conteúdo fossilífero, possuindo uma fauna rica em moluscos bivalves, gastrópodes, amonoides e vertebrados, dentre eles, dentes de tubarão [1]. O material estudado constituiu 52 dentes completos isolados e 227 fragmentos de dentes. Estes fósseis foram coletados em 2015, no afloramento Calumbi 1, localizado no município de Nossa Senhora do Socorro, SE (10°52'52" S, 37°07'07" O). O material provém de coletas de amostras superficiais de bloco de rochas, tratadas com técnicas de peneiramento e lavagem. As amostras foram depositadas em um recipiente com água, a fim de desagrega-las e posteriormente peneiradas (malhas de 2,83 e 1,00 mm). Após secagem, foi feita a triagem dos dentes e sua separação em morfotipos, para posterior identificação a partir das referências [1], [2] e [3]. Foram considerados caracteres como forma e tamanho da coroa, das cúspides acessórias, raiz, dentículos, bordas e faces labial e lingual dos dentes. Os 52 dentes mais completos foram separados em 7 morfotipos distintos, destes 5 foram identificados a nível de gênero e 2 não foram identificados. O morfotipo 1 (n = 2) pertence ao gênero *Squalicorax*, com coroa em forma crescente, apresentando face lingual convexa e face labial plana, serrilhas suaves distribuídas uniformemente nas margens mesial e distal e raiz alta. O morfotipo 2 (n = 1) identificado como *Notorynchus*, possui raiz tabular e 4 cúspides acessórias inclinadas declinando em tamanho.



Onze dentes foram classificados como *Carcharias* (morfotipo 3), apresentando coroa com cúspide moderadamente larga, um par de pequenos denticulos triangulares, face lingual convexa e labial levemente convexa, carena contínua do ápice à raiz, raiz bilobada e protuberante. O morfotipo 4 (n = 3) foi classificado como *Cretoxyrhina*, possuindo coroa moderadamente alta, com grande inclinação distal; um par de denticulos podendo estar presente nos dentes laterais e posteriores. Trinta e dois dentes foram classificados como *Cretalamna* (morfotipo 5), apresentando cúspide central robusta, um ou dois denticulos triangulares na região mesial e dois a três na face distal. Os morfotipos 2 e 4 possuem ocorrência nova para o estado de Sergipe. Os morfotipos 6 e 7 não foram identificados por tratarem de possíveis patologias, reconhecidas devido à assimetria ou presença de feições anômalas, como coroa enrugada e fossas. Considerando a ecologia dos gêneros atuais, a presença predominante de *Carcharias* e um baixo número de *Squalicorax* sugere ambientes plataformais mais rasos em contraposição a ambientes marinhos abertos. O gênero *Cretalamna*, exclusivo do Cretáceo, frequentemente é descrito associado a sedimentos plataformais rasos, sendo sua abundância em Calumbi 1 indicativa de tal ambiente para este afloramento. Comparada a outras localidades com dentes fósseis de tubarões do Campaniano, no mundo, foi observada semelhança com a fauna do Texas [2], que apresenta 36 espécies descritas para o Cretáceo, incluindo os 5 gêneros aqui descritos. A baixa riqueza encontrada no afloramento Calumbi 1 em relação ao Texas pode estar associada com a escassez de coletas e estudos para região, ou de fato pode representar um ambiente pouco rico, ecologicamente pouco estruturado, estressante, talvez anóxico, como proposto em [1]. O alto grau de fragmentação dos fósseis da Calumbi 1 dificultou a identificação dos mesmos impossibilitando uma visão mais acertada de sua real riqueza. Por conseguinte, pretende-se aplicar outras metodologias, a exemplo da morfologia geométrica, a fim de discriminar grupos a partir da variação de suas formas, mesmo que estejam parcialmente fragmentadas, sendo possível retratar um quadro mais completo desse momento chave da história evolutiva dos tubarões modernos.

Referências

- [1] W.S. Lima, Macrofaunas campanianas e ambientes deposicionais da Formação Calumbi, bacia de Sergipe-Alagoas, Brasil, UFRJ, Rio de Janeiro, 2001.
- [2] B.J. Welton et al., The Collector's Guide to Fossil Sharks and Rays From the Cretaceous of Texas, BeforeTIME, Lewisville, 1993.
- [3] R.W. Purdy, A Key to the Common Genera of Neogene Shark Teeth, New York, 2006.



Processos de Radiação Adaptativa e Diversificação Explosiva Atuam nas Diferentes Linhagens da Megadiversa Superfamília Octodontoidea (Rodentia)

Emanuelle Ferreira dos Santos^{1*}, Claudio Juan Bidau¹, Pablo Ariel Martinez¹.

1 PIBi – Laboratório de Pesquisas Integrativas em Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe

*emanuelleferreira0109@gmail.com

29

A compreensão dos processos de especiação é um ponto central nos estudos evolutivos para entender a origem da diversificação das espécies. Na radiação adaptativa, o aumento da diversificação das espécies surge com a ocupação de novos nichos, aumentando a diversidade de papéis ecológicos e adaptações das características fenotípicas em diferentes espécies dentro de uma linhagem [1]. Por outra parte, processos de intensa diversificação de espécies sem o surgimento de características adaptativas óbvias é conhecido como diversificação explosiva [1].

Os roedores da superfamília Octodontoidea são endêmicos da América do Sul, possuem uma ampla distribuição geográfica e apresentam adaptações ecológicas e morfológicas que permitiram uma variedade de estilos de vida, podendo ser terrestres, fossoriais, arborícolas e semiaquáticos [2]. Taxonomicamente, a superfamília é subdividida em seis famílias: Octodontidae; Ctenomyidae; Echimyidae; Myocastoridae; Capromyidae e Abrocomidae, sendo considerada uma das mais diversificadas entre os caviomorfos [2]. O objetivo do presente trabalho é analisar se as famílias com hábitos ecológicos mais diversos apresentam uma maior taxa de especiação e diversificação fenotípica.

Foi estimada a taxa de diversificação da superfamília Octodontoidea a partir da hipótese filogenética de Fabre, et.al (2012) [3], e a taxa de diversificação do tamanho corporal das espécies. Todas as análises foram realizadas com o software BAMM 2.5. Os dados do tamanho corporal das 154 espécies foram obtidos através da base de dados Pantheria [4]. E para analisar se as diferentes famílias apresentaram taxas de diversificação de espécies e de tamanho diferentes, foi realizado o teste ANOVA na plataforma R 3.2.2.

A partir da análise da taxa de diversificação das espécies observou-se dois pontos de alta diversificação ao longo da filogenia de Octodontoidea: (i) na origem das famílias Echimyidae e Capromyidae, correspondente à 19m.a. e (ii) referente à origem da família Ctenomyidae, que tem 9 m.a. Através da análise de diversificação do tamanho corporal pode-se observar que a família Capromyidae apresentou as maiores taxas médias de diversificação. Por outro lado, a família Echimyidae mostrou linhagens com altas taxas assim como, linhagens com baixas taxas de diversificação. Já a família Ctenomyidae mostrou taxas de diversificação de tamanho corporal com valores intermediários. A análise do teste ANOVA demonstrou diferenças



significativas entre as taxas de diversificação de espécies e do tamanho corporal entre as famílias. Entretanto, a família Echimyidae e Octodontidae (as quais apresentam diversos hábitos de vida), não apresentaram taxas altas de diversificação fenotípica.

Em processos de radiação adaptativa, a divergência das espécies está associada a divergências fenotípicas profundas [5]. Portanto, os membros da família Capromyidae que apresentam taxas altas de diversificação de espécies e fenotípica, adequam-se ao modelo de radiação adaptativa. Em contraste, o modelo de especiação explosiva estabelece que existe a formação de um grande número de espécies num curto período de tempo, mas esta não é acompanhada pela divergência de características ecológicas e fenotípicas [1]. Sendo assim, a família Ctenomyidae segue o padrão esperado pelo modelo de diversificação explosiva.

O presente trabalho ressalta a importância de processos de radiação adaptativa e a diversificação explosiva atuando simultaneamente nas diversas linhagens do grupo megadiverso Octodontoidea.

Referências

- [1] T. J. Givnish. Adaptive radiation and molecular systematics: aims and conceptual issues. (1997) 1-54.
- [2] J. L. Patton et al. Mammals of South America. 2 (2015).
- [3] P. H. Fabre et al., A glimpse on the pattern of rodent diversification: a phylogenetic approach. BMC Evol Biol 12 (2012): 88.
- [4] K. E. Jones et al., PanTHERIA: a species-level database of life history, ecology, and geography of extant and recently extinct mammals. 90 (2009) 2648.
- [5] D. Schluter et al. The ecology of adaptive radiation. 63 (2012) 417–429.



Modelagem De Disponibilidade De Habitat Como Subsídio Para Identificação De Fósseis Pleistocênicos

Franciely da Silva Santos^{1*}, Wilcilene Santos de Aragão¹, Anderson Aires Eduardo¹, Pablo Ariel Martinez¹, Alexandre Liparini¹

¹Universidade Federal de Sergipe, Departamento de Biologia, PIBi – Laboratório de Pesquisas Integradoras em Biodiversidade

*franciely.ufs@gmail.com

31

A identificação taxonômica de fósseis através da análise de características morfológicas constitui um aspecto essencial da pesquisa paleontológica. Entretanto, a depender do estado de preservação do material coletado, identificações em níveis mais inclusivos podem ser inviáveis. Uma estratégia adotada para contornar esse tipo de problema é a utilização de dados de distribuição das espécies atuais para auxiliar na identificação do material fóssil. Assume-se que a ausência atual de uma espécie na área onde o registro fóssil foi encontrado indica um menor potencial de que este seja da espécie comparada, sendo mais provável que se trate de outra, semelhante, que ainda ocorra na região. Um dos problemas com essa estratégia está no fato de que as áreas de distribuição das espécies variam ao longo do tempo. Portanto, apesar de mais provável o nível da inferência é fracamente suportado. Nesse contexto, a modelagem de disponibilidade de habitat pode contribuir, pois relaciona os registros de ocorrências das espécies atuais com variáveis climáticas para inferir e projetar espacialmente a distribuição potencial de um organismo. Assim, o objetivo desse trabalho é avaliar a aplicabilidade da modelagem de disponibilidade de habitat, como uma ferramenta de auxílio na identificação taxonômica de fósseis.

Foram selecionados registros de fósseis datados e georeferenciados que pudessem apresentar divergência quanto à identificação em nível específico. Nesse sentido, foram analisados dois registros pertencentes ao gênero *Caiman* (Crocodylia: Alligatoridae). O primeiro compreende um dente isolado, coletado em Poço Redondo, Sergipe, identificado por França e col. [1] como possível *C. latirostris*, datado entre 11.068 - 11.211 cal BP. O segundo registro inclui elementos cranianos e pós-cranianos de pelo menos quatro indivíduos coletados na Gruta do Ioiô, em Palmeiras, BA e identificado por Castro e col. [2] como *Caiman* spp. com idade entre 21.520 - 22.040 cal BP. Para a modelagem foi utilizado o software *MAXENT*. As variáveis foram obtidas do trabalho de Syngaraier e col. [3]. As variáveis que apresentavam uma forte correlação entre si ($r > 0,7$) foram retiradas e foram selecionadas aquelas de maior relevância biológica para este estudo, sendo elas: Bio10 - temperatura média nos meses mais quentes;



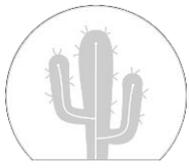
Bio11- temperatura média nos meses mais frios; Bio16 - precipitação nos meses mais úmidos; Bio 17 - precipitação nos meses mais secos. Foram utilizados também dados das ocorrências atuais das espécies desse gênero, i.e., *C. crocodilus*, *C. latirostris* e *C. yacare*, para a projeção de qualidade de habitat (*suitability*, com valores entre 0 e 1), para as idades dos morfotipos analisados. A qualidade do modelo foi quantificado através da análise do AUC (área sob a curva ROC, com valores entre 0 e 1).

Os valores de AUC para os modelos de cada espécie, *C. crocodilus*, *C. latirostris* e *C. yacare*, foram, respectivamente, 0,842, 0,846 e 0,961. Valores de AUC > 0,75 geralmente indicam um desempenho adequado para muitas aplicações [4], portanto a qualidade dos modelos que foram gerados são considerados “bons”. Em relação à projeção de qualidade de habitat na localidade dos fósseis foram obtidos os seguintes valores para 11 mil anos BP: 0,0089 (*C. crocodilus*); 0,0440 (*C. latirostris*); 0,0024 (*C. yacare*). E para as análises de 21 mil anos BP: 0,0116 (*C. crocodilus*); 0,0894 (*C. latirostris*); 0,0032 (*C. yacare*). De acordo com os resultados é possível corroborar com França e col. [1], que o fóssil encontrado é de *Caiman latirostris* (AUC = 0,846, *suitability* = 0,0440), já que o local onde o registro fóssil foi coletado corresponde a maior *suitability* para essa espécie há 11 mil anos BP. Já para o registro fóssil de Castro e col. [2] de acordo com os modelos de disponibilidade de habitat obtidos através do *MAXENT*, podemos inferir que o fóssil descrito pode se tratar de um indivíduo da espécie *Caiman latirostris* (AUC = 0,846 e *suitability* = 0,0894), já que os modelos obtidos para as outras duas espécies apresentaram valores mais baixos de potencial de habitat para essa localidade, há 21 mil anos.

A partir dos resultados obtidos foi possível verificar que a modelagem de disponibilidade de habitat é uma ferramenta que pode subsidiar os pesquisadores na identificação de fósseis pleistocênicos, que apresentem preservação fragmentária ou incompleta.

Referências

- [1] L.M. França et al., Radiocarbon dating and stable isotopes analyses of *Caiman latirostris* (Daudin, 1801) (Crocodylia, Alligatoridae) from the late Pleistocene of Northeastern Brazil, with comments on spatial distribution of the species, *Quaternary International*, Vol. 352, 159-163, 2014.
- [2] M.C.Castro et al., The Quaternary vertebrate fauna of the limestone cave Gruta do Ioiô, northeastern Brazil, *Quaternary International*, Vol. 352, 164-175, 2014.
- [3] J.S. Syngaraier et al., High-latitude climate sensitivity to ice-sheet forcing over the last 120 kyr Quaternary, *Science Reviews*, Vol. 29, 43-55, 2010.
- [4] J. Pearce et al., An evaluation of alternative algorithms for fitting species distribution models using logistic regression, *Ecological Modelling*, Vol. 128, Issues 2–3, 127–147, 2000.



Prêmio de Melhor Pôster

Manipulação Comportamental Induzida por Fungos: Um Exemplo de Evolução Biológica Conjunta

João Lucas Vitório Ribeiro Carvalho^{1*}, Letícia Franco de Almeida Costa¹, Jober Fernando Sobczak¹.

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza.

*lucasvitorio@aluno.unilab.edu.br

33

Alguns parasitas desenvolveram a capacidade de controlar adaptativamente o comportamento dos seus hospedeiros de forma precisa, permitindo sua transmissão a partir de um hospedeiro para outro. Nestes casos, a seleção natural moldou os genomas dos parasitas a fim de controlar o fenótipo dos hospedeiros que ocupam [1]. Várias linhas de evidências estão surgindo para ilustrar os mecanismos pelos quais os parasitas conseguem este feito [2]; [3]. Um dos exemplos mais complexos de parasitas que se estende a seus fenótipos é a manipulação precisa e complexa do comportamento de artrópodes, geralmente formigas da tribo Camponotini, pelo fungo *Ophiocordyceps unilateralis* S.L. [4]; [5]. Nessa interação, o fungo parasita controla o comportamento do hospedeiro, induzindo-o a subir na vegetação e fixar-se nos caules ou folhas por suas mandíbulas antes de morrer. Uma vez morto, o fungo se desenvolve em seu interior, utilizando-o como substrato, até produzir um “estroma” que brota do exoesqueleto do cadáver [3]. A função de tal manipulação é a dispersão dos esporos, o caule e a folha fornece uma plataforma para a sua liberação. Esse comportamento é bastante curioso e chama muito a atenção dos pesquisadores. Podemos identificar o comportamento de um indivíduo sendo modificado como resultado do trabalho de um micro-organismo parasita. Ou seja, apesar do indivíduo que está sendo manipulado ser um inseto, ele representa comportamentos induzidos por um fungo. Podemos considerar esse fato como um exemplo de evolução biológica conjunta, na qual o ciclo de vida de uma espécie está intimamente ligado a outra.

Nosso trabalho consiste no estudo desse tipo de interação em diversas áreas da APA da Serra de Baturité (4°08' e 4°27'S e 38°50' a 30°05'W) localizada no nordeste do estado do Ceará. A APA possui a maior extensão de remanescentes preservados da Mata Atlântica no Ceará. As condições ambientais da Serra de Baturité favoreceram a existência de florestas do tipo Ombrófila Densa Submontana e Montana, na porção mais úmida, enquanto que nas condições de chuvas sazonais, favoreceu a floresta semidecídua [6].

Desde outubro de 2014, registramos formigas da espécie *Camponotus atriceps* parasitadas pelo *Ophiocordyceps camponoti-atricipis*. Nesta interação, observamos que as formigas infectadas são manipuladas pelo parasita a fixar-se através das mandíbulas nas nervuras da parte abaxial



das folhas, uma vez que esse comportamento não é comum em formigas não infectadas dessa espécie. Os hospedeiros observados estavam à uma altura em relação ao solo entre 0,6 cm e 2,9 m, não havendo um padrão seguido pelas formigas manipuladas em medir a distância desde o solo até as folhas onde irão morrer. Em agosto de 2016, encontramos 106 indivíduos parasitados por fungos, dentre eles, o gênero *Gibellula* atacando aranhas, gênero *Ophiocordyceps* atacando formigas *Camponotus sp.* e uma interação entre um fungo e um besouro ainda não identificada.

Pretendemos utilizar das novas técnicas moleculares para a identificação precisa dos indivíduos envolvidos nessas interações e quais os metabólitos produzidos, assim como a filogenia dessas espécies encontradas aqui no estado, ampliando assim os conhecimentos sobre essas interações para a região nordeste brasileira.

Referências

- [1] Hughes D.P. On the origins of parasite-extended phenotypes. **Integr. Comp. Biol.** 54:210–1. 2014.
- [2] Adamo S. The strings of the puppet master: how parasites change host behavior. In: Hughes DP, Brodeur J, Thomas F, (eds.). **Host manipulation by parasites.** Oxford: Oxford University Press. p. 36–51. 7. 2012.
- [3] Adamo, S. A., Webster, J. P. Neural parasitology: how parasites manipulate host behaviour. **J. Exp. Biol.** 216:1–2. 2013.
- [4] Andersen S.B., Gerritsma S., Yusa K.M., Mayntz D., Hywel-Jones N.L., Billen J., Boomsma J.J., Hughes D.P. The life of a dead ant: the expression of an adaptive extended phenotype. **Am. Nat.** 174:424–33. 2009.
- [5] Hughes D.P., Andersen S., Hywel-Jones N.L., Himaman W., Bilen J., Boomsma J.J. Behavioral mechanisms and morphological symptoms of zombie ants dying from fungal infection. **BMC Ecol.** 11:13. 2011a.
- [6] Mantovani W. **Conservação de biodiversidade: importância das serras úmidas no nordeste semi-árido brasileiro.** In: Oliveira T. S. & Araújo F.S. (Org.). Fortaleza: Edições UFC, Coelce, p. 3-15. 2006.



Evolucionismo: A Polêmica Teoria de Darwin e a Posição da Igreja Católica

João Mateus Silva Feitoza^{1*}, Ebenézer Bernardes Correia Silva², Maria Luzenita Wagner Mallmann²

1 Estudante do Instituto Federal de Alagoas - IFAL, Técnico em Química Industrial

2 Docentes de Biologia do Instituto Federal de Alagoas – IFAL

*joaomateus05@outlook.com

35

A ciência, como se sabe, não é imutável e está sobre constante exame e análise. O contexto de evolução nos dias atuais, apesar de ser mais abrangente ainda é algo polêmico em algumas áreas. Ainda que existissem cientistas que afirmassem que organismos se transformavam ao longo do tempo, apenas Charles Darwin e Alfred Russel Wallace foram os que identificaram a *seleção natural* como incentivadora da evolução.

Darwin, com sua teoria, entrou em contradição com muitos pensamentos criacionistas e também com muitos cientistas de sua época. A princípio ele desejava tornar-se naturalista, mas, foi enviado por seu pai para a Faculdade de Medicina de Edimburgo. Não possuindo interesse pela medicina, transferiu-se para a Universidade de Cambridge onde ironicamente tinha por intenção tornar-se clérigo. Após sua formação, por recomendação do Reverendo John Henslow, ele seguiu em viagem ao redor do mundo no barco de pesquisa HMS *Beagle* capitaneado por Robert FitzRoy. Durante a viagem, Darwin coletou e observou inúmeros animais e plantas sul-americanos, identificando características que tornavam estes mais adaptados a outros ambientes e também suas semelhanças com outros animais e plantas (homologias) de outras regiões [1]. Além dos registros fósseis, que auxiliaram satisfatoriamente nas observações reproduzidas por Darwin, o estudo da geologia através da obra de Lyell – *Princípios de geologia* – fez com que ele notasse a forte relação das diversas adaptações ao ambiente e o surgimento de novas espécies, concluindo que a explicação para estas adaptações era essencial para a compreensão da evolução. Surgia desta maneira o conceito de *seleção natural*. Infelizmente, para Darwin, Alfred Russel Wallace, chegou às mesmas conclusões e publicou um artigo em 1858. No ano seguinte, Darwin publicaria seu livro com o título: “*Sobre a origem das espécies por meio da seleção natural*”.

A princípio, como já foi citado, a Teoria de Darwin não foi bem aceita por todos, nem mesmo no meio científico. As pessoas com convicções criacionistas – ideias de uma criação especial por uma entidade sobrenatural – foram as que mais se opuseram a ela, devido a não acreditarem nas explicações científicas naturais para o mundo físico. Uma das maiores oposições partiu da Igreja Católica, instituição com grande influência na época. Após a disseminação da também chamada Teoria da *descendência com modificação*, as autoridades eclesiásticas preocuparam-se em manifestar-se sobre o tema, a fim de fazer esclarecimentos. O papa da



época, Papa Pio IX, considerado conservador, criticou a teoria achando que ela seria contrária à concepção da criação do universo por um Ser Supremo. Porém já no ano de 1950, na encíclica “*Humanis Generis*” o Papa Pio XII, alerta para as interpretações errôneas ligadas à tese do evolucionismo e afirma que essa teoria deve ser interpretada e não rejeitada sumariamente. Em 1998, o Papa João Paulo II, na encíclica “*Fides et Ratio*” cita: que “*Sucessivamente, o Papa Pio XII fez ouvir a sua voz prevenindo contra interpretações errôneas que andavam ligadas com as teses do evolucionismo, do existencialismo e do historicismo. Explicava ele que estas teses não foram elaboradas nem eram propostas por teólogos, mas tinham a sua origem « fora do redil de Cristo »; [68] acrescentava, porém, que tais extravios não deviam ser liminarmente rejeitados, mas examinados criticamente: Ora, estas tendências, que se afastam em medida desigual da reta via, não podem ser ignoradas ou transcuradas pelos filósofos e teólogos católicos, que têm o grave dever de defender a verdade divina e humana, e de fazê-la penetrar na mente dos homens*” [2]. E, por fim, mas não menos importante, o Papa Francisco que durante um discurso na Pontifícia Academia de Ciências disse: “*a evolução da natureza não é incompatível com a noção de criação, pois exige a criação de seres que evoluem. Ao cientista, portanto, sobretudo ao cientista cristão, corresponde a atitude de interrogar-se sobre o futuro da humanidade e da Terra; de construir um mundo humano para todas as pessoas e não para um grupo ou uma classe de privilegiados*” [3]. Portanto, vemos que atualmente não há uma inibição por parte da Igreja quanto à discussão por parte dos cientistas sobre como se dá o processo de interação homem-universo, pelo contrário, ela a incentiva. A ciência não pode provar e nem refutar a religião, ambas de formas distintas procuram explicar os acontecimentos do mundo físico e por isto não há necessidade de discussões não construtivas.

Referências:

[1] National Academy Of Sciences *et al.*, Ciência, Evolução e Criacionismo, Funpec, Natal, 2011.

[2] Carta Encíclica *Fides et Ratio*. C2016. Disponível em: <http://w2.vatican.va/content/john-paul-ii/pt/encyclicals/documents/hf_jp-ii_enc_14091998_fides-et-ratio.html>. Acesso em: 22 set. 2016.

[3] Papa defende a Evolução e despreza o criacionismo. C2016. Disponível em:

<<http://www.criacionismo.com.br/2014/10/papa-defende-evolucao-e-despreza-o.html>>. Acesso em: 22 set. 2016.



Processos Neutros Dirigem a Diversificação Morfológica no Gênero *Caranx* (Pisces, Carangidae)

Karina Oliveira Mota^{1*}, Kathleen Mahra da Silva Alcântara Castro¹, Maiara Pedral dos Santos¹, Uedson Pereira Jacobina², Pablo Ariel Martinez¹

¹PIBi – Laboratório de Pesquisas Integrativas em Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, Sergipe, Brasil

²PIC - Laboratório de Ictiologia e Conservação, Universidade Federal de Alagoas, Penedo, AL, Brasil

* karynamota@hotmail.com

37

O estudo da diversidade fenotípica entre populações e espécies é importante para a compreensão dos processos ecológicos e evolutivos[1]. Variações fenotípicas podem ser causadas pela evolução neutra, resultante do acúmulo mutações que não oferecem nenhuma vantagem ou desvantagem adaptativa. Por outro lado, quando o ambiente favorece características fenotípicas em um determinado local, leva a um aumento do sucesso reprodutivo. Assim, o processo de seleção natural disruptiva favorece a divergência dos nichos ecológicos das espécies, levando ao isolamento reprodutivo[2]. Dessa forma, a seleção natural promove a especiação acompanhada por diferenciações fenotípicas[2]. Dentre os peixes ósseos, a família Carangidae é uma das mais diversas morfológicamente, compreendendo 148 espécies e 13 gêneros. Dentro desta família, destaca-se o gênero *Caranx* por possuir uma grande diversidade ecológica, habitando os mais diferenciados habitat como estuários, regiões costeiras e/ ou recifes de corais[3]. Assim, no presente trabalho, analisamos se a divergência fenotípica dentro do gênero *Caranx* foi promovida pelos processos seletivos ou evolução neutra.

Foram analisadas 10 espécies do gênero *Caranx* a partir de morfometria geométrica. Para a análise morfométrica, inseriram-se 12 marcos anatômicos em cada indivíduo. Em seguida, o nicho trófico foi caracterizado a partir da posição trófica de cada espécie a partir do FishBase. O nicho climático das espécies foi estabelecido a partir da temperatura, salinidade e clorofila, utilizando informações do banco de dados Bio-ORACLE. Por fim, correlacionou-se a forma das espécies com a posição trófica e o nicho climático a partir de regressões lineares filogenéticas e testou-se o sinal filogenético da forma. Todas as análises foram realizadas utilizando o pacote *geomorph* na plataforma R 3.2.2.

A partir das análises de componentes principais, observou-se uma clara diferenciação morfológica entre as espécies. O dois primeiros componentes principais explicaram 77% da variância da forma. A partir da regressão filogenética, verificou-se que não existe efeito significativo do nicho climático e trófico nas variações morfológicas do gênero *Caranx*. Este resultado revela que as diferenciações fenotípicas no grupo não estão relacionadas ao processo de seleção natural disruptiva. A análise do sinal filogenético evidenciou que a forma apresenta

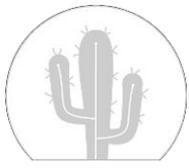


um modelo de evolução neutra ($K\text{-mult} = 0.99$, $p = 0.002$). Quando o K está próximo de 1 indica que a variação morfológica é proporcional à diferenciação filogenética[4].

É esperado que espécies que diversificam por alopatria em ambientes com altas similaridades ecológicas apresentem diferenciações fenotípicas proporcionais ao tempo de formação das barreiras biogeográficas[5]. Os ambientes marinhos eram originalmente considerados pouco estruturados geograficamente. No entanto, atualmente tem-se observado que existem fortes barreiras biogeográficas (ex. formação do Istmo de Panamá, do Mar de Tétis e a Foz Amazonas) as quais têm favorecido, ao longo do tempo evolutivo, os processos de especiação dos peixes marinhos. Desta forma, conclui-se que os processos que levaram à diversificação do gênero *Caranx* estão relacionados ao acúmulo de mutações neutras, as quais podem ter sido favorecidas pela formação de barreiras biogeográficas marinhas.

Referências

- [1] Fisher, R. A. 1930. The genetical theory of natural selection. Oxford: Clarendon.
- [2] Mitchell-Olds, T., Willis, J. H. & Goldstein, D. B. (2007) Which evolutionary processes influence natural genetic variation for phenotypic traits? *Nature Reviews Genetics*, 8, 845-856.
- [3] Nelson, J. S. (2006) *Fishes of the world*, 4 ed., John Wiley & Sons, Canadá.
- [4] Blomberg S.P., Garland T., & Ives A.R. (2003) Testing for phylogenetic signal in comparative data: behavioral traits are more labile. *Evolution*, 57, 717–745.
- [5] Wiens, J.J. (2004) Speciation and ecology revisited: Phylogenetic niche conservatism and the origin of species. *Evolution*, 58, 193–197.



Prêmio de 2º Melhor Pôster

Manipulação Comportamental Induzida Pelo Parasitoide *Zatypota* sp. (Hymenoptera: Ichneumonidae) Em *Dubiaranea* sp. (Araneae: Linyphiidae)

Leticia Franco de Almeida Costa^{1*}, João Lucas Vitório Ribeiro Carvalho¹, Jobert Fernando Sobczak¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Ciências Exatas e da Natureza.

*leticiafranco.a@hotmail.com

39

Vespas parasitóides são muitas vezes consideradas como organismos modelo no estudo da evolução. Ao contrário de predadores, que podem exigir diferentes presas para completar o seu desenvolvimento, parasitoides contam com os recursos provenientes de um único indivíduo [7,8]. Vespas do grupo de gêneros *Polysphincta*, por exemplo, são ectoparasitoides cenobiontes que utilizam exclusivamente aranhas como hospedeiras para o desenvolvimento de suas larvas, ou seja, o hospedeiro mantém sua atividade enquanto o parasitoide o consome [3,4].

Os estágios imaturos de alguns desses indivíduos manipulam o comportamento de aranhas, induzindo a construção de teias modificadas [1,5]. Segundo Eberhard (2000a, 2001) essa manipulação pode ser quimicamente induzida pela larva, entretanto, o mecanismo envolvido nesse processo e origem do comportamento induzido ainda não foram revelados.

Neste trabalho, descrevemos o primeiro registro brasileiro de manipulação comportamental em aranhas do gênero *Dubiaranea* Mello-Leitão 1943. O trabalho tem como objetivo ampliar o conhecimento sobre os mecanismos de manipulação por vespas do grupo *Polysphincta* e expandir os conhecimentos acerca da distribuição geográfica do grupo para o nordeste do Brasil, uma vez que ainda não existem registros para essa região.

O trabalho foi conduzido em Mulungu, Ceará, Brasil, no sítio Canudus (4°18. 675'5, 38°56.922'0). Foram traçados transectos no decorrer das trilhas a fim de verificar a existência de teias modificadas para as espécies de *Dubiaranea* sp parasitadas por *Zatypota* sp. Algumas aranhas da mesma espécie foram coletadas e levadas para o laboratório de Zoologia da Unilab, onde foram mantidas em potes e alimentadas com uma mistura de leite em pó e suprimento alimentar até construírem suas teias. Os espécimes foram enviados para a coleção do Instituto Butantã (A. Brescovit, curador) e para a coleção de Hymneoptera parasítica da UFSCar (A. Pentead-dias, curadora).

Ao todo, foram observadas 6 teias modificadas. As teias normais construídas por *Dubiaranea* sp. observadas em campo são compostas por fios finos e próximos sempre em formato linear, na posição horizontal, com fios de seda que se estendem da parte linear e convergem em um ponto na parte superior de galhos ou folhas. As teias modificadas construídas por aranhas parasitadas apresentam uma estrutura circular condensada, com um aumento significativo na quantidade



de fios que se estendem ao longo de todo o centro, provavelmente mais reforçado que o restante da teia, e se fixam em galhos e folhas ao redor. Gonzaga et al. (2010) observaram comportamento semelhante em *N. clavipes* por *Hymenoepimecis bicolor*. O hospedeiro diminuiu a quantidade de raios e espiras e reforçando os fios na parte central da teia. Esse formato, de acordo com os autores, conferiu à nova teia uma maior resistência contra fatores abióticos como vento e chuva do que a teia normal, assegurando maiores chances de sobrevivência ao parasitoide contra outros predadores ou fatores ambientais, o que, provavelmente, também ocorre para *Dubiaranea* sp.

O registro de manipulação comportamental em *Dubiaranea* sp. é o primeiro caso para a família Linyphiidae no Brasil. A obtenção de mais informações sobre o comportamento alterado do hospedeiro durante a construção da teia e, as características de teias normais e teias modificadas são importantes para determinar como essa complexa interação parasitoide e hospedeiro ocorre no grupo de gêneros *Polysphincta*. Com estas informações, é possível construir árvores filogenéticas mais completas para todo o grupo, e assim, identificar como ocorreu a evolução deste tipo de interação.

Referências

- [1] Eberhard WG (2000a) Spider manipulation by a wasp larva. *Nature* 406:255–256
- [2] Eberhard WG (2001) Under the influence: webs and building behavior of *Plesiometa argyra* (Araneae, Tetragnathidae) when parasitized by *Hymenoepimecis argyraphaga* (Hymenoptera, Ichneumonidae). *J Arachnol* 29:354–366
- [3] Fitton MG, Shaw MR, Austin AD (1987) The Hymenoptera associated with spiders in Europe. *Zool J Linn Soc* 90:65–93
- [4] Gauld, I. D. & J. Dubois. 2006. Phylogeny of the *Polysphincta* group of genera (Hymenoptera: Ichneumonidae; Pimplinae): a taxonomic revision of spider ectoparasitoids. *Systematic Entomology* 31: 529–564
- [5] Gonzaga MO, Sobczak JF, Pentead-Dias AM, Eberhard WG (2010) Modification of *Nephila clavipes* (Araneae: Nephilidae) webs induced by the parasitoids *Hymenoepimecis bicolor* and *H. robertsae* (Hymenoptera: Ichneumonidae). *Ethol Ecol Evol* 22:151–165
- [6] Gonzaga MO, Sobczak JF (2011) Behavioral manipulation of the orb-weaver spider *Argiope argentata* (Araneae: Araneidae) by *Acrotaphus chedelae* (Hymenoptera: Ichneumonidae). *Entomol Sci* 14:220–223
- [7] Harvey JA, Harvey IF & Thompson DJ (1994) Flexible larval growth allows use of a range of host sizes by a parasitoid wasp. *Ecology* 75: 1420–1428
- [8] Sequeira R, Mackauer M (1993) The nutritional ecology of a parasitoid wasp, *Ephedrus californicus* Baker (Hymenoptera: Aphidiidae). *Canadian Entomologist* 125: 423–430.



Evidências De Radiação Adaptativa Na Infraordem Delphinida (Cetacea, Mammalia)

Mayane A. Andrade^{1*}, Diene O. Santos¹, Juan P. Zurano² & Pablo A. Martinez¹

¹ PIBi - Laboratório de Pesquisas Integrativas em Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, SE, Brazil

² Laboratório de Biogeografia e Macroecologia, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, RN, Brazil.

* m.ayandrade@hotmail.com

41

Compreender os processos que dirigem a diversificação das espécies tem atraído a atenção dos biólogos evolutivos desde a publicação do livro *The Origin of Species* de Darwin [1]. O modelo de conservadorismo do nicho estabelece que, durante os processos de diversificação, as espécies mantêm suas similaridades ecológicas através do tempo [2]. Contrariamente, se novas linhagens são geradas num curto período de tempo, acompanhadas de fortes diferenças ecológicas, é conhecido como radiação adaptativa [3]. Os membros da infraordem Delphinida (Cetacea, Mammalia) formam um grupo monofilético que se originou faz ~29 M.a. Dentro deste grupo, se destaca a família Delphinidae, a qual apresenta uma origem recente (~12-10 M.a.) com uma alta diversidade (36 espécies). Os mecanismos evolutivos que levaram à diversificação no interior do grupo são controversos, existindo dúvidas se processos de radiações adaptativas foram responsáveis por gerar a grande diversidade dentro da família Delphinidae. Assim, o presente trabalho caracterizou o nicho climático e a evolução do mesmo no grupo, a fim de determinar se os processos de especiação foram direcionados por mecanismos de conservadorismo de nicho ou por radiação adaptativa.

Foram estimadas as taxas de diversificação na infraordem Delphinida a partir da filogenia de Stemmann et al. [4] com ajuda do software BAMM [5]. Modelos de nicho ecológicos (MNE) foram feitos com dados georeferenciados para 41 espécies da infraordem, coletados a partir de Global Biodiversity Information Facility (GBIF) e sete variáveis climáticas marinhas (amplitude térmica, pH, cobertura máxima de nuvens, calcita, salinidade, temperatura mínima e clorofila), disponíveis no Bio-Oracle. Os MNE foram reconstruídos utilizando Maxent 3.3.3k com ajuda do pacote *dismo* na plataforma R. A partir dos resultados de Maxents, foi caracterizado o perfil do nicho climático ocupado pelas espécies (PNO de sua sigla em inglês *predicted niche occupancy*) [6]. Para saber como se deu a diversificação dos nichos, foram realizadas análises das taxas de disparidade através do tempo (DTT). Por último, realizou-se a reconstrução ancestral do nicho a partir da filogenia de Stemmann et al. [4].

Se observou que existe um *shift* de diversificação coincidente com a origem da superfamília Delphinoidea (~22 Ma). A partir dos gráficos do DTT pode-se observar que, também neste período, existiu um aumento da diversificação do nicho climático. Valores altos de DTT estão relacionados a grande diversificação simultânea do nicho em diferentes linhagens, gerando



grande variação dentro de cada um dos clados [7]. Assim também, a análise de DTT mostrou um decréscimo temporal logo após o pico de diversificação. A observação de uma explosão inicial de especiação, seguida por uma queda em suas taxas ao longo do tempo, assim como a coincidência temporal com a diversificação do nicho climático, evidenciam que processos de radiação adaptativa possam ter tido um papel importante dentro do grupo [4,7]. Tais fatos podem ser reflexo da grande diversificação da superfamília Delphinoidea após 18 Ma, especialmente na família Delphinidae, sendo o mais diverso e ecologicamente versátil, ocupando oceanos, nas porções tropicais e polares, estuários e até mesmo rios [4]. Assim, este trabalho aporta novas evidências do papel da radiação adaptativa nos processos de diversificação no ambiente marinho.

Referências

- [1] C. Darwin, *On the Origin of Species by Means of Natural Selection*, John Murray, London, (1859).
- [2] J.J. Wiens, Speciation and ecology revisited: Phylogenetic niche conservatism and the origin of species. *Evolution* 58 (2004) 193–197.
- [3] D. Schluter, *The Ecology of Adaptive Radiation*, Oxford University Press, Oxford, 2000.
- [4] M. E. Steeman et al., Radiation of Extant Cetaceans Driven by Restructuring of the Oceans. *Sys. Biol.* 58 (2009) 573–585
- [5] D.L. Rabosky DL, et al., Rates of speciation and morphological evolution are correlated across the largest vertebrate radiation. *Nature Com.* (2013) 4: 10.1038/ncomms2958.
- [6] M. Evans et al., Climate, niche evolution, and diversification of the “bird-cage” evening primroses (*Oenothera*, Sections *Anogra* and *Kleinia*), *The American Naturalist* (2009) 173 225-240.
- [7] L.J. Harmon et al. Tempo and Mode of Evolutionary Radiation in Iguanid Lizards, *Science* (2013) 961-964.



Estudos Em Evolução Vs. Filo Cnidaria: Panorama Dos Últimos 5 Anos (2010 – 2015) No Nordeste Do Brasil

Mayara de Farias^{1*} e Bruno Michael da Silva Pereira²

¹Escola José Aprígio da Silva, Craíbas - Alagoas.

²Programa de Pós-Graduação em Diversidade Biológica e Conservação nos Trópicos, Universidade Federal de Alagoas, Maceió – Alagoas; Laboratório de Ecologia Quantitativa; Setor de Comunidades Bentônicas (ICBS/UFAL)

*mayara_farias12@hotmail.com

43

O filo Cnidaria é um grupo diverso com aproximadamente 9000 espécies, estruturalmente simples unidos pela habilidade de sintetização de células altamente complexas, as cnidas. Seus membros que incluem corais, hidroides, águas-vivas e anêmonas, são abundantes e comuns no ambiente marinho [1], [2]. Estes organismos, apesar de primitivos, apresentam inúmeras características evolutivas, sendo os primeiros organismos a desenvolverem uma cavidade digestiva no interior do corpo, um rudimentar sistema nervoso além de algumas características morfológicas evolutivas [3]. Contudo, muito além do conhecimento geral das características evolutivas e o posicionamento filogenético dos organismos, os estudos em Evolução Biológica representam um papel fundamental para a consolidação de todas as áreas de conhecimento da Biologia [4]. No entanto, o desenvolvimento de trabalhos que abordem a compreensão da Teoria Evolucionista e associações com os diversos grupos biológicos ainda apresentam inúmeras falhas e dificuldades, sendo eminente a necessidade de um maior contato com o tema. E quando direcionado a alguns grupos específicos os resultados são ainda mais desanimadores, conhecimentos estes extremamente necessários para integralizar os dados dos organismos com os das demais áreas dos estudos em Evolução e a Ciência no geral [5]. Sendo assim, o presente estudo buscou realizar um levantamento na literatura científica brasileira dos últimos 5 anos (2010 – 2015) a respeito de estudos em Evolução relacionados ao filo Cnidaria, no Nordeste do Brasil. Para se ter um panorama de como este grupo de organismos estão sendo estudados e quantificar a produção científica da área em questão.

Para tal, as buscas dos trabalhos publicados foram realizadas no Google Acadêmico em setembro de 2016, das publicações em português sobre o tema sugerido. Foram escolhidos 5 “*Search strings*”, utilizando operados lógicos booleanos e curinga para conduzir melhor a busca dos trabalhos. As informações foram obtidas através de uma leitura sistemática do título, resumo, palavras chave e resultados de todos os artigos utilizados, depois de uma prévia triagem para excluir os artigos que em seu conteúdo não estavam relacionados a estudos em evolução



envolvendo cnidários. Foram encontrados 1048 arquivos. Apesar da variação de palavras, depois da triagem, nos últimos 5 anos, apenas 19 artigos foram computados, pois apenas estes obtinham as informações que puderam ser utilizadas no estudo.

Apesar de esse baixíssimo número de registros, foi possível observar uma tendência maior de interesse com essa temática, nos anos de 2012, 2013 e 2014, voltando a cair em 2015 (2 trabalhos). Ainda assim, a maioria dos trabalhos realizados são considerados “literaturas cinza”, 13 dissertações, 3 teses, 2 trabalhos publicados em revistas e 1 resumo de congresso. Trabalhos que apesar de grande relevância, sua maior fonte de divulgação é interna em Instituições de nível superior. Todavia, o estado do Nordeste que mais produziu trabalhos sobre o tema foi Pernambuco, com 11 trabalhos, seguido do Ceará, Bahia, Paraíba e Rio Grande do Norte, com dois trabalhos cada. Conquanto, as áreas de conhecimento dos trabalhos encontrados que se relacionam com Evolução foram Ecologia, com 8 trabalhos; Taxonomia, 5 trabalhos; Biologia Molecular, 4 trabalhos; e Filogeografia e Geografia, com um trabalho cada. Dentre as 4 classes do filo Cnidaria, apenas 3 foram citadas como objeto de estudo nos trabalhos encontrados, Anthozoa foi a mais representativa, com 17 estudos e Cubozoa e Hydrozoa com 1 estudo cada. Ficando Scyphozoa sem nenhum representante.

Ainda que a busca tenha sido de trabalhos dos últimos 5 anos (2010 – 2015), os resultados dão um panorama parcial do real problema que é a falta de estudos que abranjam o tema Evolução, quando se trata de cnidários na região Nordeste do Brasil. Não se exclui a possibilidade da existência de outros trabalhos nesse período, mas com as limitações da pesquisa e os instrumentos de busca utilizados os resultados demonstraram, mesmo que superficialmente, uma problemática geral, carente de estudos e interesse por parte dos pesquisadores com a área, mostrando que dos 9 estados do Nordeste em apenas 5 desenvolveram estudos com o tema proposto, o que reflete a problemática que a literatura descreveu, criando as falhas e dificuldades no entendimento da Evolução e principalmente quando relacionada ao filo Cnidaria.

Referências

- [1] M. Daly et al., The phylum Cnidaria: A review of phylogenetic patterns and diversity 300 years after Linnaeus. *Zootaxa* (2007), 1668: 127–182.
- [2] W. Appeltanz et al., The magnitude of global marine species diversity. *Current Biology* (2012), 22: 2189-2202.
- [3] G.J. Brusca e R.C. Brusca, *Invertebrados*. 2. ed. Rio de Janeiro: Guanabara-Koogan, 2007. [4] M. Ridley, *Evolução*. Ed. 3. Porto alegre: Artmed, 2006.
- [5] M. Pigliucci, An extended Synthesis for Evolutionary Biology. *The Year in Evolutionary Biology*, *Annals of the New York Academy of Sciences*, (2009), 1168: 218-228.
- [6] Agradecimentos especiais a CAPES pela bolsa de estudo ao mestrando Bruno Michael da S. Pereira.



DATANDO A ORIGEM EVOLUTIVA DE PEIXES MOJARRAS (ACTINOPTERYGII: GERREIDAE): UM PARADOXO FILOGENÉTICO DENTRO DA ORDEM DOS PERCIFORMES

Uedson Pereira Jacobina^{1*}

1- Laboratório de Ictiologia e Conservação, Campus Penedo/ UFAL, Avenida Beira Rio s/n
CEP 57200-000 Phone/Fax: +55-82- 3551-2784

*uedsonjacobina@live.com

45

Conhecidos como mojarras, a família Gerreidae são espécies de peixes de pequeno e médio porte que vivem em ambientes marinhos e estuarinos tropicais e subtropicais globalmente [1]. São constituídos por 52 espécies, dentro de seis gêneros: *Diapterus*, *Eucinostomus*, *Eugerres*, *Gerres*, *Parequula* e *Pentaprion* [1]. Sistemáticamente, esta família tem sua posição filogenética mal resolvida dentro da Ordem dos Perciformes, um grupo diverso e polifilético, onde tem variado sua posição topológica ao longo dos anos [2]. As relações internas entre os seus representantes não têm sido diferentes, variando ao longo do tempo, tanto em número de gêneros quanto no número de espécies, onde a convergência morfológica tem dificultado a correta identificação taxonômica e consequentemente obscurecendo as suas relações evolutivas [3]. No presente estudo, foram analisadas 31 espécies de Gerreidae, ou seja, 60% das espécies nominais até agora diagnosticadas, com fins em avaliar as suas relações filogenéticas e estabelecer a sua origem evolutiva.

Sequências de DNA dos Gerreideos foram obtidas do GenBank para as análises filogenéticas, 1 *locus* nuclear (RAG1) e três *loci* mitocondriais (12s, 16s e COI). O alinhamento das sequências de cada gene foi realizado com *ClustawW* no MEGA 6. Concatenamos os quatro *loci* utilizando o *Seaview*. Usamos *jModeltest* para selecionar o melhor modelo de evolução das sequências, sendo o melhor modelo GTR + G +I. Corremos análises bayesiana usando Mr.Bayes 3.2 e máxima verossimilhança com RAxML. Estimamos o tempo de divergência da família com o software BEAST.

Os resultados produziram topologias altamente congruentes com máxima verossimilhança (ML) e análise bayesiana (BI), inferindo que a família Gerreidae é um grupo monofilético. Internamente, a família é dividida em dois grandes clados, o primeiro constituído pelos gêneros *Eugerres* + *Diapterus* e o segundo clado constituído por *Eucinostomus* + *Gerres*. Dos dois deles são monofiléticos, *Gerres* e *Eucinostomus*. *Diapterus* e *Eugerres* apresentaram um moderado suporte estatístico, refutando o monofiletismo de ambos os gêneros como apontado em estudos anteriores [3]. A presença de *D. aureolus* na parte mais basal entre *Eugerres* e *Diapterus* infere que estes gêneros sejam polifiléticos. As relações filogenéticas em que envolvem ambos os gêneros já vêm sendo debatidas em outros estudos, apontado que deveriam ser considerados



como um único gênero [4]. Por outro lado, os mais diversos *Eucinostomus* e *Gerres* embora sejam monofíleticos, as suas relações internas principalmente nos ramos mais apicais mostraram um moderado suporte estatístico, sugerindo estudos integrativos para uma melhor delimitação dessas espécies.

A análise de calibração temporal sugere que a família Gerreidae originou no Eoceno 46 milhões de anos (Mya), sendo posteriormente dividido em dois grandes clados. O gênero *Gerres* é o mais antigo 30.5 Mya e *Diapterus* + *Eugerres* são os mais recentes 19 Mya. Um pico de diversificação durante o Oligoceno parece ter atuado na cladogenesis deste grupo, podendo ter propiciado novos nichos que conduziram uma possível radiação adaptativa na família Gerreidae.

46

Referências

- [1] F. M. Cervigon, Los peces marinos de Venezuela, Caracas: Fundacion Cientifica Los Roques, 2, (1993) 425.
- [2] R. Betancur-R et al., The Tree of Life and a New Classification of Bony Fishes. Plos Currents Tree of Life. (2013) 45.
- [3] W.J. Chen et al., Relationships among four genera of mojarras (Teleostei: Perciformes: Gerreidae) from the western Atlantic and their tentative placement among percomorph fishes. Journal of Fish Biology 70, (2007) 218.
- [4] Javier Vergara-Solana, et al. Molecular and morphometric systematics of *Diapterus* (Perciformes, Gerreidae) [2015] 8.



Evidências Ecológica, Genômica e Paleontológica Suportam a Hipótese de Radiação Adaptativa nos Canídeos (Carnivora)

Vitor Fellipec Fonseca Almeida^{1*}, Darlan da Silva¹, Jennifer Suiany Goes Reis¹, Sidney Feitosa Gouveia¹, Alexandre Liparini¹, Pablo Ariel Martinez¹

¹ PIBi – Laboratório de Pesquisas Integrativas em Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe

* v_fellipe_f@hotmail.com

47

Compreender os mecanismos que levam à diversificação das espécies é uma das áreas mais intrigantes dentro da biologia evolutiva. A geração de novas espécies a partir de um ancestral comum em um curto espaço de tempo, onde cada nova espécie possui características adaptativas, é conhecida como radiação adaptativa [1].

Os carnívoros são um dos grupos mais diversos dentro dos mamíferos, apresentando 126 gêneros e 286 espécies. Os carnívoros terrestres têm conseguido conquistar todos os continentes (com exceção da Austrália e Antártida), exibindo grande diversidade fenotípica e ecológica. No presente trabalho utilizamos métodos filogenéticos comparativos integrando informações morfológicas, ecológicas e genômicas com a finalidade de determinar se as linhagens da ordem Carnivora com altas taxas de diversificação estão associadas a eventos de radiação adaptativa.

Foram obtidos dados de tamanho corporal para 222 espécies da ordem Carnivora a partir da base de dados de Pantheria. Foi caracterizado o nicho climático das espécies, a partir de 19 variáveis climáticas disponibilizadas no *Worldclim*. Para estimar a taxa de diversificação genômica, recolhemos informações do número cromossômico de 112 espécies a partir de O'Brien et al. [2]. Por último, a partir da filogenia da Ordem Carnívora presente em Rolland et al. [3], estimamos a taxa de diversificação das espécies, do tamanho corporal, do nicho climático e genômica com ajuda do software BAMM 2.5.

Finalmente coletamos informação dos registros fósseis existentes para a ordem Carnivora a partir da base de dados Paleontology database (<http://paleobiodb.org>).

A partir da análise de diversificação, foi detectado um único ponto de aumento abrupto nas taxas de especiação, o qual está relacionado com o surgimento dos representantes atuais da família Canidae. Assim também, a família Canidae destaca-se por apresentar os valores mais elevados quanto à diversificação do nicho. Ao analisar a diversificação do tamanho corporal, observou-se que diferentes linhagens dentro das famílias apresentaram altas taxas de diversificação, não existindo uma associação desta com os processos de diversificação das espécies. A partir da análise de diversificação genômica verificou-se altas taxas de diversificação dentro da família Canidae. Por último, ao analisar riqueza de fósseis da família Canidae através do tempo, nota-se uma forte diminuição da riqueza de fósseis antes da origem



dos integrantes atuais da família. A geração rápida de múltiplas espécies com características adaptativas próprias são favorecidas diante de oportunidades ecológicas, como a liberação de nichos logo após uma grande extinção [4]. Assim, as altas taxas de diversificação do nicho e genômica associadas a elevadas taxas de especiação na família Canidae, suportam a hipótese de que a mesma tenha passado por processos de radiação adaptativa. Isto é reforçado pela observação de que a diversificação dos representantes atuais dos canídeos, pertencentes à subfamília Caninae, surgem logo após a extinção da subfamília Boraphaginae, o qual pode ter permitido a liberação de nichos ecológicos [5].

Referências

- [1] A. Soulebeau et al., The hypothesis of adaptive radiation in evolutionary biology. 15 (2015) 747-761.
- [2] S. J. O'Brien et al., Mammalian Chromosomes, John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, NJ, 2006.
- [3] J. Rolland et al., Faster speciation and reduced extinction in the tropics contribute to the mammalian latitudinal diversity gradient. 12 (2014).
- [4] J. B. Yoder et al., Ecological opportunity and the origin of adaptive radiations. 23 (2010) 1581-1596.
- [5] X. Wang et al., Dogs: their fossil relatives and revolutionary history. New York, Columbia University Press, 2008. 219*



Maxent Como Ferramenta Para Modelagem De Distribuição Espacial De Espécies Fósseis: Validação A Partir Da Ocorrência De Espécies Atuais Com Registros Pleistocênicos

Wilcilene Santos de Aragão*¹, Franciely da Silva Santos¹, Leonardo Kerber², Alexandre Liparini¹, Pablo Ariel Martinez¹, Anderson Aires Eduardo¹.

¹ Universidade Federal de Sergipe; ² Universidade Federal de Santa Maria
*wilcilene_netadedarwin@hotmail.com

49

O *Maxent* é um dos algoritmos mais utilizados para modelagem de distribuição de espécies atuais. Ao longo dos últimos anos, tornou-se uma das ferramentas mais utilizadas em macroecologia, biogeografia e evolução. A pesquisa que tem sido produzida nesse campo se apoia no pressuposto de que as projeções em outros momentos no tempo podem ser geradas a partir da calibração do modelo com dados atuais, no entanto, não encontramos na literatura estudos que testem explicitamente as projeções do *Maxent* para o passado. Assim, o objetivo desse trabalho foi projetar a distribuição de duas espécies atuais (*Lagostomus maximus* e *Myocastor coypus*) para um passado cuja datação para ocorrências fósseis das espécies selecionadas seja conhecida, de forma que fosse possível testar se as projeções abarcam os pontos em que o registro fóssil das espécies empregadas foi encontrado. *Lagostomus maximus*, um roedor fossorial da família Chinchilidae, atualmente distribui-se na parte central e norte da Argentina, sul do Paraguai, sudeste da Bolívia e oeste do Uruguai. Seu registro fóssil inicia-se durante o Pleistoceno tardio [1]. *Myocastor coypus* é um roedor semiaquático da família Echimyidae que habita a porção austral do continente. Atualmente, o gênero é monoespecífico. Entretanto, espécies extintas de *Myocastor* são registradas desde o final do Mioceno, Argentina. Para o Pleistoceno essa espécie foi encontrada na Argentina, Uruguai, Bolívia e Brasil [2]. Tais espécies foram selecionadas por apresentarem registro fóssil (final do Pleistoceno) fora de sua atual área de distribuição (o que permite testar a presença de condições climáticas compatíveis com a presença destes registros), e por possuir espécimes datados, georreferenciados e em bom estado de preservação, assegurando sua designação taxonômica em nível específico. Foi utilizado um registro de *L. maximus* no centro sul do Uruguai (34°16'12,23" S, 55°59'35,82" O) datado de 13.898 - 13.941 anos cal A.P. (calibrados Antes do Presente) [1] e um registro de *M. coypus* em Palmeiras, Bahia central (12°23'36,3" S, 41°33'11" O) datado de 19.980 - 20.250 anos cal A.P. [2]. Para a modelagem foi utilizado o algoritmo *Maxent*, que emprega o princípio da máxima entropia para estimar valores de *suitability* (disponibilidade de habitat para as espécies). Quanto mais próximo de um, melhor o habitat para a espécie. O AUC (*area under the ROC curve*) foi utilizado para avaliar o desempenho do modelo (varia de zero, indicando baixo desempenho



do modelo, a um, indicando alto desempenho do modelo), que foi ajustado a partir das variáveis climáticas do banco de dados *World Clim*, sendo elas: *Bioclim10* (temperatura média nos meses mais quentes) *Bioclim11* (temperatura média nos meses mais frios) e *Bioclim16* e *17*, indicativos de precipitação nos meses mais úmidos e mais secos, respectivamente. Essas variáveis foram escolhidas a partir da correlação do conjunto de todas as variáveis (aquelas com coeficiente de correlação r maior do que 0,7 foram retiradas) e, em seguida, foi observado quais eram mais interessantes biologicamente, de acordo com a ecologia das espécies estudadas e o intervalo temporal considerado, de maneira que foram feitas duas modelagens compreendendo os milhares mais recente e mais antigo, para o qual a espécie havia sido datada. O valor do *suitability* para *L. maximus* foi de 0,4186 para a projeção de 13 mil anos A.P. e de 0,4675 para 14 mil anos A.P., com $AUC = 0,9136$. *M. coypus* apresentou valores de 0,4185 para a projeção de 19 mil anos e 0,5006 para 20 mil anos, com $AUC = 0,9310$. Esses valores do *suitability* indicam que apesar da área onde seus fósseis foram encontrados não serem habitats totalmente ideais às suas ocorrências, os mesmos ainda assim representam uma faixa na qual haviam condições ambientais adequadas para sua existência que pode estar relacionada com a dinâmica das variações climáticas do passado. O uso do *Maxent* foi validado para as espécies selecionadas, pois ao mesmo tempo que modelou potenciais habitats fora da área de ocorrência atual, o modelo abrangeu, dentro do intervalo temporal de existência das espécies fósseis, áreas geográficas nas quais as mesmas de fato existiram. Dessa maneira, concluímos que o *Maxent* apresentou aplicabilidade para pesquisa em biogeografia histórica de espécies atuais com registros fósseis no Pleistoceno e Holoceno, possibilitando uma melhor compreensão sobre os padrões de distribuição de espécies ao longo do Quaternário.

Referências

- [1] M. Ubilla et al., *Alcheringa*, 40 (2016) 354.
- [2] M. C. Castro et al., *Quatern. Int.*, 352 (2016) 164.