

**PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE BIOCÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOLOGIA**

**DIVERSIDADE CRÍPTICA E DIVERGÊNCIA
PROFUNDA NO TAPACULO PRETO
Scytalopus speluncae (AVES: RHINOCRYPTIDAE)**

**Autor: Paola Pulido-Santacruz
Orientador: Dr. Sandro L. Bonatto**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO
PORTO ALEGRE – RS – BRASIL
2011**

Dedico este trabalho à minha mãe
Gilma Santacruz De la Rosa pelo incentivo e
sacrifícios incontáveis, mesmo à distância.

Ao meu marido **Santiago J. Sánchez-Pacheco**
que superou, ao meu lado, todos os obstáculos acadêmicos e
científicos e me deu a força para continuar.

Obrigada, amo vocês!

SUMÁRIO

| | |
|---|------------|
| Resumo | III |
| <i>Abstract</i> | IV |
| Apresentação | V |
| CAPÍTULO 1 Artigo Científico | 1 |
| <i>Abstract</i> | 4 |
| <i>Introduction</i> | 5 |
| <i>Materials and Methods</i> | 6 |
| <i>Results</i> | 10 |
| <i>Discussion</i> | 13 |
| <i>Acknowledgments</i> | 16 |
| <i>References</i> | 17 |
| <i>Figures</i> | 24 |
| <i>Figures captions</i> | 29 |
| <i>Tables</i> | 30 |
| Conclusões | VI |
| CAPÍTULO 2 | 35 |

RESUMO

A Mata Atlântica abriga uma das maiores riquezas de espécies de aves do mundo, mas até agora, pouco é conhecido sobre seus padrões espaciais de diversidade genética e sua história evolutiva neste bioma. Utilizando-se de dados de sequências de genes mitocondriais (Cyt b e ND2), foi estimada a história evolutiva e populacional do complexo *Scytalopus speluncae* de 56 localidades ao longo de toda sua distribuição na Mata Atlântica. Os resultados mostram que *S. speluncae* é um complexo de pelo menos sete linhagens crípticas, alopátricas e bem suportadas, que se originaram no Pleistoceno Tardio e Médio. O padrão filogeográfico do grupo é amplamente concordante com a hipótese dos refúgios estáveis e antigos da parte norte da Mata Atlântica. Ao mesmo tempo, os resultados refutam o cenário de não-persistência ao longo dos ciclos glaciais nos refúgios da parte sul, que por este cenário teriam sido colonizados muito recentemente por populações do norte. Além disso, a diversificação em *S. speluncae* mostrou-se muito maior do que era previsto através de análises fenotípicas, sugerindo um elevado nível de divergência e isolamento entre algumas linhagens. A existência de tais linhagens distintas que podem até representar espécies diferentes, portanto, implica que a conservação de cada linhagem deve ser avaliada de forma independente.

ABSTRACT

The Brazilian Atlantic Forest harbors one of the world's highest bird species richness, but to date there is a deficient understanding of the spatial patterns of genetic diversity and the evolutionary history of this biome. Here we estimated the phylogenetic and populational history of the wide-spread mouse-colored Tapaculo *Scytalopus speluncae* complex from 56 localities throughout its range across the Atlantic Forest, using data from two mitochondrial gene sequences (Cyt b and ND2). Our findings uncover at least seven cryptic, allopatric and well-supported lineages within *S. speluncae* that have originated in Early to Middle Pleistocene. Its phylogeographic pattern is broadly concordant with the hypothesis of more stable and ancient refugia in the northern region. At the same time our results refuted the scenario of non-persistence throughout glacial cycles of southern Atlantic Forest refugia in which they would have been very recently colonized from northern areas. Our results shown cryptic diversification in *S. speluncae* much higher than could be suspected by phenotypic analysis and suggest the high level of divergence and isolation among some lineages reflect potential species-level differences. The existence of such distinct lineages that could even represent different species suggests that the conservation of these lineages must be accessed in an independent way.

APRESENTAÇÃO

Esta dissertação é um dos requisitos exigidos para obtenção do título de Mestre pelo Programa de Pós-Graduação em Zoologia, Faculdade de Biociências, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brasil.

Os resultados aqui apresentados foram gerados ao longo dos dois anos de estudos no Laboratório de Biologia Genômica e Molecular, vinculado a esta universidade, sob orientação do Professor Dr. Sandro L. Bonatto.

A dissertação está apresentada em dois capítulos. O primeiro está em formato de artigo científico, segundo as normas da revista *Molecular Phylogenetics and Evolution*. Tabelas e figuras podem ser encontradas após o texto principal do artigo. O segundo capítulo descreve o trabalho feito na construção da biblioteca enriquecida em Microssatélites para *Scytalopus speluncae* que está sendo analisada.

Conclusões

O complexo *Scytalopus speluncae* compreende pelo menos sete clados que se originaram há quase 3 milhões de anos durante o Plioceno, e a partir de então iniciou-se o processo de diversificação das linhagens, com a maioria delas divergindo no início ou médio Pleistoceno. A profunda divergência e estrutura genética encontrada nas linhagens de *S. speluncae* sugere que as populações permaneceram isoladas no alto das serras por um longo período de tempo, concordando com a hipótese de diferenciação alopátrica ou especiação, uma vez que todas as sete linhagens atingiram monofilia recíproca em marcadores de DNA mitocondrial.

As mudanças climáticas durante o Pleistoceno podem ter definido os níveis de diversidade genética entre as linhagens: as linhagens 1 e 3, com a maior diversidade genética, linhagem 1 ocupa a região de maior estabilidade da floresta Atlântica, comumente conhecida como o refúgio da Bahia; e as linhagens 4, 6 e 7 com diversidade genética baixa, provavelmente relacionada com a alta instabilidade da floresta na região sul da Mata Atlântica.

Estes resultados indicam que os níveis de divergência e de isolamento entre as linhagens de *Scytalopus speluncae* refletem diferenças em nível de espécie, porém o estudo de caracteres adicionais é ainda necessário para determinar a diagnose das linhagens sob qualquer conceito de espécie