



HABITATS LINEARES E COMPLEMENTARIEDADE DE ESPÉCIES DE ZINGIBERALES NAS PAISAGENS AMAZÔNICAS DO ALTO RIO TAPAJÓS

Marcelo Zortea

Lais Lage; Thiago Andre

1 - Laboratório de Biologia Vegetal, Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus de Alta Floresta, Caixa Postal 324, CEP 78580 - 000, Alta Floresta (MT).

2 - Iniciação científica; marcelo_zortea@hotmail.com

INTRODUÇÃO

Hipóteses de controle ambiental sobre a distribuição das espécies predizem que a similaridade florística decresce com o aumento da distinção ambiental entre sítios. A coexistência de organismos em comunidades naturais depende, entre outros fatores, de suas características morfofisiológicas intrínsecas, fatores ecológicos e aspectos regionais. No entanto, o papel da divergência entre espécies na coexistência é pouco conhecido. Espécies ocorrendo simpatricamente podem ocupar nichos distintos se a competição direciona à divergência entre linhagens proximamente relacionadas (Webb *et al.*, 2002). Nestes casos, espécies filogeneticamente próximas diferem ecologicamente onde co-ocorrem (i.e., dispersão filogenética). Por outro lado, se a competição não representa uma força importante, então espécies relacionadas co-ocorrentes tendem a apresentar requerimentos ecológicos semelhantes (i.e., agregados filogenéticos). Estes dois cenários alternativos podem ser testados contra a hipótese nula de que as espécies estão distribuídas espacialmente de forma independente da filogenia. Zingiberales é um importante grupo monofilético de ervas terrestres (Kress *et al.*, 2001), importante componente do sub-bosque amazônico, especialmente ao longo de igarapés, onde muitas espécies são simpátricas. O número de platôs entre duas comunidades ripárias pode ser interpretado como uma medida de distância ecológica no caso das comunidades utilizarem o habitat linear ripário.

OBJETIVOS

Testar a correlação entre a distância espacial euclidiana, a densidade de platôs entre comunidades, e as similaridades florística e filogenética de Zingiberales na porção amazônica do alto Rio Tapajós, norte de Mato Grosso.

MATERIAL E MÉTODOS

Oito parcelas de 2 x 250 m foram implementadas ao longo do curso de nascentes hidrográficas da porção amazônica da bacia de drenagem do alto Rio Tapajós, norte de Mato Grosso, representando uma área de mais de 11 000 km² (API=Apiacás; PRN=Paranaíta; JOL=Norte de Alta Floresta; URU=Sul de Alta Floresta; EEP=Leste de Alta Floresta; CAR=Carlinda; ITA=Itaúba; GUA=Guarantã do Norte). Todos os indivíduos maiores que 5 cm de altura, pertencentes a espécies da ordem Zingiberales, enraizados na parcela, e a pelo menos 20 cm de outro indivíduo da mesma espécie, foram identificados e contados. Material estéril, e sempre que possível, também fértil, de cada espécie em cada localidade, foi herborizado e levado à identificação taxonômica a partir de comparação com espécimes depositados nos herbários RB e INPA. Dados de sequência da região trnL - trnF do DNA plastidial das espécies foram obtidas no banco de dados GenBank (Benson *et al.*, 2008), a partir das quais foi construída uma tipologia filogenética no software Seaview versão 4.2 (Galtier *et al.*, 1996). Espécies não

identificadas foram consideradas até o nível genérico. Esta hipótese filogenética foi usada para construir uma matriz de distância filogenética entre as comunidades de Zingiberales (Webb 2000). As localizações das comunidades foram analisadas sobre imagens espaciais do Shuttle Radar Topographic Mission (SRTM), para o cálculo do número de platôs mais altos que 250 m entre pares de comunidades, no programa GlobalMapper versão 5.08. Matrizes de dissimilaridade foram elaboradas para o índice de Bray - Curtis, de complementariedade ecológica. As matrizes de distância ecológica (Bray - Curtis) e filogenética (Webb) foram correlacionadas às matrizes de distância euclidiana e de número de platôs > 250 m, a partir do teste de Mantel. As análises foram realizadas no pacote *vegan* (Oksanen *et al.*, 2011) e *picante* (Kembel *et al.*, 2010), implementados em R (cran.r - project.org/).

RESULTADOS

Ao todo, vinte e três espécies foram encontradas, pertencentes a cinco famílias. A complementariedade de espécies não é explicada pelo número de platôs > 250 m entre as comunidades ($r=0,221$; $p=0,214$) ou pela distância espacial euclidiana ($r=0,256$; $p=0,189$), indicando que as espécies não ocorrem de forma dependente da distância espacial. Já a distância filogenética entre as comunidades cresce com o número de platôs > 250 m ($r=0,588$; $p=0,038$). A distância euclidiana também explica o aumento na distância filogenética ($r=0,475$; $p=0,080$). É importante ressaltar que, uma vez que identificamos algumas espécies somente até o nível genérico, as conclusões aqui propostas são baseadas em uma árvore filogenética incompleta (i.e., com politomias) das comunidades estudadas. Comunidades próximas apresentam distribuição filogenética agregada, indicando compartilhamento de caracteres adaptativos aos atributos locais do ambiente (inércia filogenética; Felsenstein 1985). Assim, habitats separados por interflúvios inconspícuos são mais conectados e potencialmente mais semelhantes, suportando espécies que compartilham mais apomorfias. Portanto, o acúmulo do efeito de áreas mais altas, que podem limitar a dispersão, favorece o distanciamento filogenético entre comunidades localizadas em zonas ripárias mais

distantes, indicando que este grupo de plantas de sub-bosque utiliza a zona ripária como habitat linear.

CONCLUSÃO

As zonas ripárias das paisagens amazônicas do alto Tapajós são importantes habitats lineares das ervas terrestres da ordem Zingiberales. A similaridade florística não é limitada pela presença de platôs, porém a estruturação filogenética, que representa o compartilhamento de traços filogenéticos, cresce com o número de platôs entre as comunidades.

REFERÊNCIAS

- Benson, D.A.; Karsch - Mizrahi, I.; Lipman, D.J.; Ostell, J.; Wheeler, D.L. 2008. GenBank. Nucleic Acids Research 36: D25 - D30.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783 - 791.
- Galtier, N.; Gouy, M.; Gautier, C. 1996. SeaView and Phylo _win, two graphic tools for sequence alignment and molecular phylogeny. *Comput. Applic. Biosci.* 12: 543 - 548.
- Kembel, S.W.; Cowan, P.D.; Helmus, M.R.; Cornwell, W.K.; Morlon, H.; Ackerly, D.D.; Blomberg, S.P.; Webb, C.O. 2010. Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics* 26:1463 - 1464.
- Kress, W.J.; Prince, L.M.; Hahn, W.J.; Zimmer, E.A. 2001. Unraveling the Evolutionary Radiation of the Families of the Zingiberales Using Morphological and Molecular Evidence. *Systematic Biology* 50: 926 - 944.
- Oksanen, J.; Blanchet, F.G.; Kindt, R.; Legendre, P.; O'Hara, R.B.; Simpson, G.L.; Solymos, P.; Stevens, M.H.H.; Wagner, H. 2011. *vegan: Community Ecology Package*. R package version 1.17 - 8. <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>
- Webb, C.O. 2000. Exploring the phylogenetic structure of ecological communities: an example for rain forest trees. *The American Naturalist* 156: 145155.
- Webb, C.O.; Ackerly, D.D.; McPeck, M.A.; Donoghue, M.J. 2002. Phylogenies and community ecology. *Annual Review of Ecology and Systematics* 33: 475505.