Processos biogeográficos de duas espécies de papagaios (Psittaciformes) florestais do sul da América do Sul: enfoque na conservação

Amanda Vaz ROCHA¹,Renato CAPARROZ¹,Vivian RIBEIRO¹, Luis Osvaldo RIVERA², Jaime MARTINEZ³, Nêmora Pauletti PRESTES⁴

Palavras-chave: Amazona, biogeografia, conservação, DNA mitocondrial

Introdução

O papagaio de Tucuman (*Amazona tucumana*) e o papagaio-charão (*Amazona pretrei*) são considerados espécies irmãs, formando um clado bem sustentado dentro da filogenia dos *Amazona* (Russello & Amato, 2004). Segundo Nores (1992), podem ser denominadas aloespécies, uma vez que são espécies alopátricas com características morfológicas e ecológicas semelhantes.

Atualmente, a área de distribuição do papagaio-charão compreende o estado do Rio Grande do Sul e o sul de Santa Catarina, com alguns registros na região de Missione na Argentina. Essa espécie ocorre principalmente entre 500 e 1.000 m de altitude (Martinez & Prestes, 2008). Já a distribuição do papagaio de Tucuman é restrita as florestas de Yungas próximas aos Andes do noroeste da Argentina ao leste da Bolivia com dependência das áreas com alta altitude: de 1.500 a 2.200 m de altitude. (Rivera et. al., 2007). Estas duas espécies são separadas geograficamente por uma área aberta denominada Chaco (Willis, 1992).

A perda de habitat e o trafico ilegal de filhotes são fortes ameaças a estas duas espécies. No Rio Grande do Sul, a redução de habitat do papagaio-charão ocorreu pela fragmentação, além do corte seletivo de espécies florestais arbóreas dentro dos fragmentos, sendo ainda agravado pela criação de bovinos (Martinez et al,2008). Tais perturbações também ocorrem nas florestas de Yungas, na Argentina, onde as indústrias madeireiras e as queimadas para criação de pastagens são os maiores responsáveis pela perda de habitat do papagaio de Tucuman (Rivera et. al., 2007).

O tráfico ilegal desses papagaios, basicamente destinados para o comércio de animais de estimação, é um problema para estas espécies. Na argentina, nos

¹Laboratório de Genética e Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás

²Centro de Zoología Aplicada, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina

³Projeto Charão, Amigos do Meio Ambiente, Carazinho, Rio Grande do Sul

⁴Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Passo Fundo, Rio Grande do Sul e-mail:amandavaz@gmail.com; renatocz@yahoo.com.br

anos de 1985 a 1989 foram exportados legalmente 18.641 filhotes de *Amazona tucumana* (Nores & Yzurieta, 1994). No Brasil, estudo com ninhos de *A. pretrei* mostram que dos ninhos avaliados, a predação natural foi de 12,5%, enquanto que a captura humana para o tráfico ilegal foi de 29,16%, demonstrando a intensa ameaça ao tamanho dessas populações (Martinez et. al., 2008). Devido a estas ameaças ambas as espécies estão listadas no status de vulnerável nas categorias de ameaça da IUCN (IUCN, 2011).

Nores (1992) propõe que estas espécies tenham divergido no inicio das flutuações de umidade no quaternário ou ainda que tal separação possa ter ocorrido anterior a essas flutuações. O presente trabalho tem como objetivo avaliar os processos biogeográficos destas duas espécies com auxilio da análise de següências do DNA mitocondrial

Material e métodos

Foram analisadas 41 amostras de sangue de papagaios, sendo: 13 *A. tucumana* e 28 *A. pretrei*, as quais foram coletadas em diferentes áreas do Rio Grande do Sul e da Argentina (Figura 1). O DNA das amostras de sangue foi extraído segundo protocolo padrão de digestão com SDS 10% e proteinase K, seguida de purificação com fenol:clorofórmio:álcool isoamílico (25:24:1), conforme descrito por Brudford e colaboradores (1992).



FIGURA 1: Localização das áreas de coleta das amostras do papagaio de tucuman (*A. tucumana*) e do papagaio-charão (*A. pretrei*) analisadas no presente estudo.

Um segmento de 491 pb do gene mitocondrial COI foi amplificado nas seguintes condições: volume total de 10 ml contendo 0,5 mM de cada iniciador, 1 U de TaqDNA polimerase (Phoneutria, BR), 200 mM de dNTP, tampão 1X (10 mM Tris-HCl, pH 8,3, 50mM KCl, 1,5 mM MgCl2), e 9,0 ng de DNA, e seqüenciado com auxilio de um seqüenciador automático.

As sequencias foram alinhadas com auxilio do algoritmo ClustalW com auxílio do programa BioEdit v.7.0, seguidas de uma análise de máxima parcimônia com 1.000 réplicas de bootstrap com auxílio do programa MEGA v.5.0. Foi construída também uma rede de haplótipos com auxílio do programa Network v. 4.6. Uma estimativa de tempo de divergência foi realizada com base na variação entre as sequencias, utilizando a maior entre os grupos como indicador do tempo, e considerando uma taxa de mutação de 2% por milhão de ano.

Resultados

Considerando a variabilidade genética, A. pretrei apresentou diversidade haplotipica ($H_d = 0.68$) maior em relação a A. tucumana ($H_d = 0.41$), bem como uma diversidade nucleotídica três vezes maior do que este último (A. pretrei = 0.03% e A. tucumana = 0.01%). Com base na análise de máxima parcimônia (Figura 2), foi possível identificar dois grupos distintos, caracterizando a monofilia recíproca entre as duas espécies. A maior distância genética entre as seqüências de cada grupo foi de 0.32%, com uma distância média de 0.22%. Baseado nesta distância, estima-se que a separação dessas duas espécies tenha ocorrido durante o Plioceno.

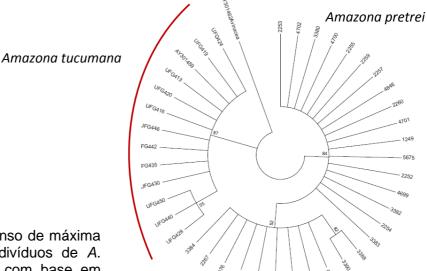


Figura 2. Árvore consenso de máxima parcimônia para os indivíduos de *A. pretrei* e *A. tucumana* com base em 491 pb do gene mitocondrial COI.

Foi possível avaliar por meio da rede de haplótipos (Figura 3) que a pequena variação haplotipica não deve ser atribuída somente a uma amostragem menor uma vez que em apenas uma localidade amostrada para *A. petrei* já foi encontrada uma maior variabilidade genética. Dois grupos podem ser claramente identificados e tais grupos correspondem aos grupos geográficos reafirmando o caráter de espécie destes grupos.

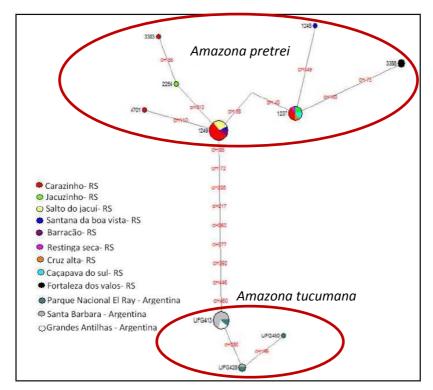


Figura 3. Rede de haplótipos indicando a freqüência e a localização geográfica dos haplótipos de *A. pretrei* e *A. tucumana* com base em 491 pb do gene mitocondrial COI.

Discussão

Os presentes dados corroboram a elevação em nível de espécie os táxons analisados proposta por Russello e Amato (2004) por apresentar em todas as análises grupos distintos.

Em relação ao tempo de divergência, pode-se inferir que as possíveis zonas de contato existentes nos ciclos úmidos do quaternário proposto por Nores (1992) não foram efetivas para promover o fluxo gênico entre *A. pretrei* e *A. tucumana*, uma vez que a separação dos grupos se deu anteriormente a esse evento. Pode-se atribuir a dependência de ambas as espécies a nichos ecológicos em áreas de altitude (Martinez & Prestes, 2008; Rivera et. al., 2007) como uma possível explicação da ausência de contato que tais corredores florestais poderiam propiciar

às duas espécies. Como os hábitos alimentares e reprodutivos destas espécies são similares à maioria dos papagaios pertencentes ao gênero *Amazona* (Rivera & Politi, 2004), é importante que se avalie o motivo de tal dependência às florestas de altas altitudes.

Quanto ao período de divergência, Silva (1994) sugere outros possíveis fatores que possam interferir nos processos biogeográficos tais como: tectonismo do Plioceno/Pleistoceno e ou elevações do nível do mar, os quais podem ter interferência no processo de especiação destes papagaios.

A baixa variabilidade de *A. tucumana* pode estar associada à destruição das áreas de ocorrência desta espécie (Rivera et. al., 2007), além da forte interferência do trafico sobre a mesma (Nores & Yzurieta, 1994; Rivera et. al., 2007). Esta baixa variabilidade associada ao declínio populacional e a perda de habitat enfatizam a vulnerabilidade do papagaio de Tucuman.

Conclusão

As flutuações climáticas do quaternário não foram à causa da separação de *A. tucumana* e *A. pretrei* sendo este evento datado do Plioceno. A baixa variabilidade genética de *A. tucumana* é um agravante no status de vulnerabilidade desta espécie. Porém, mais estudos devem ser realizados no sentido de identificar quais processos podem estar envolvidos na divergência destas espécies irmãs.

Referências bibliográficas

- BRUDFORD, M. W., HANNOTE, O., et al.1992 Single locus and multilocus DNA fingerprinting. In: HOEZEL, C.A. R. (ed). Molecular genetic Analyses of Populations: a Pratical Approach. New York: Oxford University Press,p. 225-269.
- IUCN, 2011 . disponível em http://www.iucnredlist.org .
- MARTINEZ, J., PRESTES, N.P., 2008. Biologia da conservação estudo de caso com papagaio-charão e outros papagaios brasileiros. Editora UPF, 15-57.
- NORES, M., 1992. Bird speciation in subtropical south america in relation to forest expansion and retraction. The Auk 109(2).346-357.
- NORES, M., YZURIETA, D., 1994. The status of Argentine parrots.Bird Conservation International, 4, 313-328.
- RIVERA, L., POLITI, N., BUCHER, E.H., 2007. Decline of the Tucuma´n parrot Amazona tucumana in Argentina: present status and conservation needs. Oryx Vol 41 No 1, 101-105.
- RUSSELLO, M. A., AMATO, G., 2004. A molecular phylogeny of Amazona: implications for Neotropical parrot biogeography,taxonomy, and conservation. Molecular Phylogenetics and Evolution, 30,421-437.
- SILVA, J.M.C., 1994. Can Avian Distribution Patterns in Northern Argentina be Related to Gallery-forest Expansion-Retraction Caused by Quaternary Climatic Changes. The Auk 111(2).495-499.
- WILLIS, E. O., 1992. Zoogeographical origins of eastern brazilian birds. Ornitologia neotropical, 3.1-15.