

Modelagem de distribuição geográfica de *Contomastix lacertoides* (Squamata, Teiidae)

Emanuely Silva e Márcio Borges Martins

Laboratório de Herpetologia- Departamento de Zoologia- IB- UFRGS



Contomastix aff lacertoides

Introdução:

O gênero *Contomastix* pertence à família Teiidae que tem grande representatividade na herpetofauna americana, com mais de 150 espécies conhecidas. O Brasil conta com duas espécies do gênero: *C. lacertoides* e *C. vacariensis*, ambos com distribuição no sul da América do Sul. Modelos de distribuição geográfica prévios indicaram a possível existência de populações com distribuição disjunta, isoladas por áreas de baixa probabilidade de ocorrência da espécie e caracterizando um complexo taxonômico. Visando descrever e comparar os padrões de distribuição das quatro linhagens de *C. lacertoides*, bem como da espécie *C. vacariensis*, que é próxima relacionada, modelamos a distribuição geográfica potencial deste gênero.



Contomastix lacertoides



Contomastix vacariensis

Material e Métodos:

Utilizando-se os pontos de distribuição conhecidos do complexo *C. lacertoides* do Brasil e Uruguai e de *C. vacariensis*, foram feitos modelos de distribuição geográfica potencial para cada uma das cinco linhagens. As análises foram feitas com a utilização do programa MAXENT v3.3.3k. Os dados ambientais utilizados foram obtidos do projeto Worldclim, consistindo em uma variável de altitude (ALT) e nove camadas bioclimáticas derivadas de médias de temperatura e precipitação.

Resultados e discussão:

	Litoral SC	Litoral RS	Escudo	Oeste	<i>C. vacariensis</i>
ALT	1.5	3	0.6	14.2	28.8
BIO 2	83,2	73,7	0,5	0,3	9,1
BIO 3	4.3	1.3	14.4	4.8	0
BIO 5	1.3	0	0.1	0.3	0
BIO 7	0.8	1.5	0	44.9	0.6
BIO 8	5.8	0	44.6	0.5	20.5
BIO 10	0.7	0	0	0	0
BIO 13	0.9	0.1	17.4	0.1	0.3
BIO 15	0	16.0	29.0	19.7	1.3
BIO 17	0.1	0.7	0.4	12.4	25.7
SNDPPT	1.2	3.5	1	2.1	0
BDL	0.2	0.3	0.1	0.6	13.8
AUC Treino	0.999	0.998	0.988	0.989	0.995
AUC Teste	0.998	0.999	0.980	0.988	0.994

TABELA 1. Contribuição percentual das variáveis ambientais para cada modelo nas cinco linhagens analisadas e valores de AUC de treino e de teste. ALT=Altitude, BIO2=Amplitude da Temperatura Diurna, BIO3=Isotermalidade, BIO5=Temperatura Máxima do Mês mais Quente, BIO7= Variação Anual de Temperatura, BIO8= Média de Temperatura do Trimestre mais úmido, BIO10=Temperatura Média do Trimestre mais Quente, BIO13=Precipitação do Mês mais Úmido, BIO15=Sazonalidade da Precipitação, BIO17=Precipitação no Trimestre mais Seco, SNDPPT= Porcentagem média de areia na profundidade de 0 a 5 cm do solo, e BDL=Densidade média do solo na profundidade de 0 a 5 cm. As três variáveis mais importantes para cada modelo estão destacadas em verde.

Agradecimentos: Camila Mesquita de Oliveira

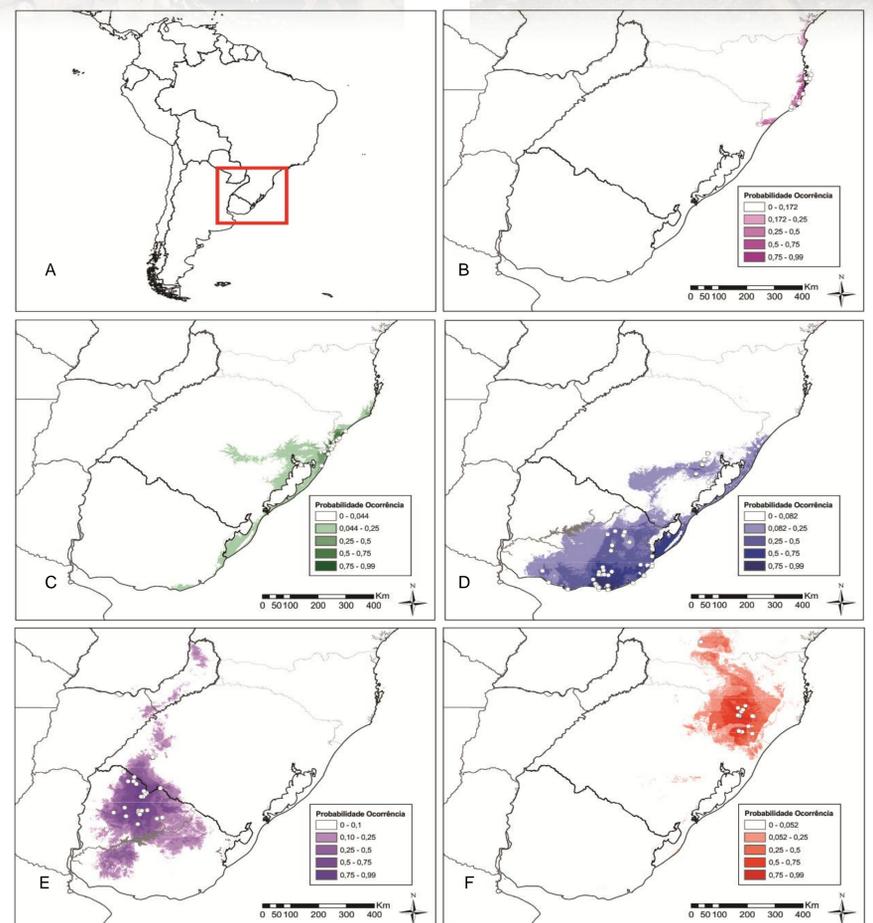


FIGURA 1. Área da América do Sul compreendida nos modelos (A), e modelos de distribuição geográfica das cinco linhagens recuperadas pela análise filogenética: População do Litoral de SC (B), População do Litoral do RS (C), População do Escudo (D), População do Oeste (E) e *Contomastix vacariensis* (F). Modelos gerados com o programa MAXENT. Pontos brancos indicam as localidades empregadas na construção do modelo.

Os valores de AUC variaram de 0.980 a 0.999 nos cinco modelos, indicando uma boa qualidade destes em prever corretamente a probabilidade de ocorrência de cada população. A variável indicada como mais importante para os modelos das duas populações do litoral foi a Amplitude da Temperatura Diurna (BIO2), enquanto que a Altitude (ALT) foi a mais importante no modelo de *C. vacariensis* (Tabela 1). Os modelos foram bastante restritos às áreas de ocorrência conhecidas, havendo pouca sobreposição de áreas entre as linhagens. O modelo da População do Escudo apresentou uma notável discontinuidade na probabilidade de ocorrência na porção central do escudo cristalino Sul-rio-grandense, com maiores probabilidades nas suas porções norte e sul (Figura 1).